

## VI

## Other SIV Proteins

Table of protein alignments .....	579
Gag .....	582
Pol .....	587
Vif .....	596
Vpx .....	598
Vpr .....	599
Vpu .....	600
Tat .....	601
Rev .....	602
Env .....	603
Nef .....	612

Name	Accession	Region	Author	Reference
01_AE.TH.CM240	U54771	VPU	Laukkonen, T	<i>J Virol</i> <b>70</b> (9):5935–43 (1996)
02_AG.NG.IBNG	L39106	VPU	Howard, TM	<i>ARHR</i> <b>10</b> (12):1755–7 (1994)
04_CPX.CY.CY032	AF049337	VPU	Gao, F	<i>J Virol</i> <b>72</b> (12):10234–41 (1998)
A1.UG.U455	M62320	VPU	Oram, JD	<i>ARHR</i> <b>6</b> (9):1073–8 (1990)
B.FR.HXB2	K03455	VPU	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> <b>313</b> (6000):277–84 (1985)
B.US.WEAU160	U21135	VPU	Tozser, J	<i>FEBS Lett</i> <b>281</b> (1-2):77–80 (1991)
BAB.TZ.2010E	U10897	ENV	Jin, MJ	<i>J Virol</i> <b>68</b> (12):8454–60 (1994)
C.ET.ETH2220	U46016	VPU	Salminen, MO	<i>ARHR</i> <b>12</b> (14):1329–39 (1996)
COL.CM.COL11	AF478608	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
COL.CM.COL243	AF478607	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
COL.CM.COL247	AF478606	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
COL.CM.COLCGU1	AF301156	ENV GAG TAT VIF VPR	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> <b>75</b> (2):857–66 (2001)
CPZ.CD.CPZANT	U42720	VPU	Vanden Haesevelde, M	<i>Virology</i> <b>221</b> (2):346–50 (1996)
CPZ.CM.CAM3	AF115393	VPU	Corbet, S	<i>J Virol</i> <b>74</b> (1):529–34 (2000)
CPZ.CM.CAM5	AJ271369	VPU	Muller-Trutwin, MC	<i>J Med Primatol</i> <b>29</b> (3-4):166–72 (2000)
CPZ.GA.CPZGAB	X52154	VPU	Huet, T	<i>Nature</i> <b>345</b> (6273):356–9 (1990)
CPZ.US.CPZUS	AF103818	VPU	Gao, F	<i>Nature</i> <b>397</b> (6718):436–41 (1999)
D.CD.84ZR085	U88822	VPU	Gao, F	<i>J Virol</i> <b>72</b> (7):5680–98 (1998)
DEB.CM.DEB1083	AF478600	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
DEB.CM.DEB1161	AF478604	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
DEB.CM.DEBCN40	AF478601	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
DEB.CM.DEBCNE1	AF478605	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
DEB.CM.DEBCNES5	AF478603	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
DEB.CM.DEBS1014	AF478602	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
DRL.-.FAO	AY159321	ENV GAG REV TAT VIF VPR VPX	Hu, J	<i>J Virol</i> <b>77</b> (8):4867–4880 (2003)
DRL.-.SIVDRLGAG	AJ310481	GAG POL	Clewley, JP	Unpublished
DRL.CM.SIVDRL006	AF328291	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
DRL.CM.SIVDRL007	AF328292	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)

## Other SIV proteins

DRL.CM.SIVDRL207	AF328293	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
F1.BE.VI850	AF077336	VPU	Laukkanen, T	<i>Virology</i> <b>269</b> (1):95–104 (2000)
G.SE.SE6165	AF061642	VPU	Laukkanen, T	<i>Virology</i> <b>247</b> (1):22–31 (1998)
GRV.-.GRI2E	U03995	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
GRV.-.GRI2L	U04007	NEF	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
GRV.-.GRI3E	U03994	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
GRV.-.GRI3L	U04006	NEF	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
GRV.ET.GRI-677	M66437	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Fomsgaard, A	<i>Virology</i> <b>182</b> (1):397–402 (1991)
GSN.CM.CM166	AF468659	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPU	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> <b>76</b> (16):8298–309 (2002)
GSN.CM.CM71	AF468658	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPU	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> <b>76</b> (16):8298–309 (2002)
GSN.CM.GSNCN166	AF478590	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
GSN.CM.GSNCN7	AF478589	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
GSN.CM.GSNCN71	AF478588	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
H.CF.90CF056	AF005496	VPU	Murphy, E	<i>ARHR</i> <b>9</b> (10):997–1006 (1993)
H2A.DE.BEN	M30502	GAG VPX	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> <b>177</b> (1):305–11 (1990)
H2A.GW.ALI	AF082339	GAG VPX	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished (1998)
H2A.SN.ST	M31113	GAG VPX	Kumar, P	<i>J Virol</i> <b>64</b> (2):890–901 (1990)
H2B.CI.EHO	U27200	GAG VPX	Rey-Cuillé, MA	<i>Virology</i> <b>202</b> (1):471–6 (1994)
H2B.GH.D205	X16109	GAG VPX	Dietrich, U	<i>Nature</i> <b>342</b> (6252):948–50 (1989)
H2G.CI.ABT96	AF208027	GAG VPX	Brennan, CA	<i>ARHR</i> <b>13</b> (5):401–4 (1997)
J.SE.SE7887	AF082394	VPU	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> <b>15</b> (3):293–7 (1999)
K.CM.MP535	AJ249239	VPU	Peeters, M	<i>ARHR</i> <b>16</b> (2):139–51 (2000)
LST.CD.SIVlhoest447	AF188114	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Beer, BE	<i>J Virol</i> <b>74</b> (8):3892–8 (2000)
LST.CD.SIVlhoest485	AF188115	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Beer, BE	<i>J Virol</i> <b>74</b> (8):3892–8 (2000)
LST.CD.SIVlhoest524	AF188116	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Beer, BE	<i>J Virol</i> <b>74</b> (8):3892–8 (2000)
LST.KE.SIVlhoest	AF075269	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> <b>73</b> (2):1036–45 (1999)
MAC.US.MM239	M33262	GAG VPX	Kestler, H	<i>Science</i> <b>248</b> (4959):1109–12 (1990)
MAC.US.MM251	M19499	GAG VPX	Franchini, G	<i>Nature</i> <b>328</b> (6130):539–43 (1987)
MND-1.GA.MNDGB1	M27470	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Tsujimoto, H	<i>Nature</i> <b>341</b> (6242):539–41 (1989)
MND-1.GA.SIVMND17	AF328276	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-1.GA.SIVMND17B	AF328277	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-1.GA.SIVMND17D	AF328278	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-1.GA.SIVMND17D1	AF328279	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-1.GA.SIVMND17D2	AF328280	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-1.GA.SIVMND17G	AF328281	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-1.GA.SIVMNDLOP4	AF328282	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-1.GA.SIVMNDLOP6	AF328283	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.-.5440	AY159322	ENV REV TAT VIF VPR VPX	Hu, J	<i>J Virol</i> <b>77</b> (8):4867–4880 (2003)
MND-2.CM.98CM16	AF301607	POL	Takehisa, J	<i>ARHR</i> <b>17</b> (12):1143–54 (2001)
MND-2.CM.98CM16	AF367411	GAG POL	Takehisa, J	<i>ARHR</i> <b>17</b> (12):1143–54 (2001)
MND-2.CM.99CM31	AF301608	POL	Takehisa, J	<i>ARHR</i> <b>17</b> (12):1143–54 (2001)
MND-2.CM.99CM32	AF301609	POL	Takehisa, J	<i>ARHR</i> <b>17</b> (12):1143–54 (2001)
MND-2.CM.99CM33	AF301610	POL	Takehisa, J	<i>ARHR</i> <b>17</b> (12):1143–54 (2001)
MND-2.CM.99CM35	AF301611	POL	Takehisa, J	<i>ARHR</i> <b>17</b> (12):1143–54 (2001)
MND-2.CM.MND254	AF478596	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
MND-2.CM.MND2S109	AF478597	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
MND-2.CM.MND2S46	AF478598	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
MND-2.CM.MND2S6	AF478599	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
MND-2.CM.MND302ENV	AF328294	ENV	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.CM.SIVMND302	AF328288	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.GA.MND14CG	AF328295	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.GA.SIVMND13	AF328286	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.GA.SIVMND15	AF328287	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.GA.SIVMND7	AF328284	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.GA.SIVMND9	AF328285	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.GA.SIVMNDPG13	AF328290	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)
MND-2.US.SIVMNDBK	AF328289	POL	Souquiere, S	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086–96 (2001)

MON.CM.MONCML1	AF478591	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
MUS.CM.MUSS1085	AF478593	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
MUS.CM.MUSS1239	AF478592	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
N.CM.YBF30	AJ006022	VPU	Simon, F	<i>Nat Med</i> <b>4</b> (9):1032–7 (1998)
O.BE.ANT70	L20587	VPU	Vanden Haesevelde, M	<i>J Virol</i> <b>68</b> (3):1586–96 (1994)
O.CM.MVP5180	L20571	VPU	Gurtler, LG	<i>J Virol</i> <b>68</b> (3):1581–5 (1994)
PAT.SN.PAMG31NEF	U26299	NEF	Bibollet-Ruche, F	<i>J Gen Virol</i> <b>77</b> (Pt 4):773–81 (1996)
RCM.NG.RCMNG409	AF349681	GAG POL	Beer, BE	<i>J Virol</i> <b>75</b> (24):12014–27 (2001)
RCM.NG.RCMNG411	AF349680	NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Beer, BE	<i>J Virol</i> <b>75</b> (24):12014–27 (2001)
SAB.-.AGMSD42	U20813	NEF	Jubier-Maurin, V	<i>J Virol</i> <b>69</b> (11):7349–53 (1995)
SAB.-.SAB2L16	U04010	NEF	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
SAB.-.SAB3E	U03997	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
SAB.-.SAB3L18	U04012	NEF	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
SAB.-.SAB4E	U03998	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
SAB.-.SAB4L10	U04014	NEF	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
SAB.SN.AGMSD30	U20812	TAT	Jubier-Maurin, V	<i>J Virol</i> <b>69</b> (11):7349–53 (1995)
SAB.SN.AGMSD30	U20966	REV	Jubier-Maurin, V	<i>J Virol</i> <b>69</b> (11):7349–53 (1995)
SAB.SN.AGMSD42	U20814	TAT	Jubier-Maurin, V	<i>J Virol</i> <b>69</b> (11):7349–53 (1995)
SAB.SN.AGMSD42	U20968	REV	Jubier-Maurin, V	<i>J Virol</i> <b>69</b> (11):7349–53 (1995)
SAB.SN.P056	U26298	NEF	Bibollet-Ruche, F	<i>J Gen Virol</i> <b>77</b> (Pt 4):773–81 (1996)
SAB.SN.SAB1C	U04005	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
SMM.US.SIVSMMH9	M80194	GAG VPX	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> <b>66</b> (1):414–9 (1992)
STM.US.STM	M83293	GAG VPX	Novembre, FJ	<i>Virology</i> <b>186</b> (2):783–7 (1992)
SUN.GA.SIVSUN	AF131870	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Beer, BE	<i>J Virol</i> <b>73</b> (9):7734–44 (1999)
SYK.KE.SYK173	L06042	ENV GAG REV TAT VIF VPR	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> <b>67</b> (3):1517–28 (1993)
TAL.CM.TAL266	AF478595	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
TAL.CM.TAL271	AF478594	POL	Peeters, M	<i>Emerg Infect Dis</i> <b>8</b> (5):451–7 (2002)
TAN.-.AGMT17	L19250	GAG	Hirsch, VM	<i>Virology</i> <b>197</b> (1):426–30 (1993)
TAN.-.AGMT27	L19251	GAG	Hirsch, VM	<i>Virology</i> <b>197</b> (1):426–30 (1993)
TAN.-.AGMT40	L19252	GAG	Hirsch, VM	<i>Virology</i> <b>197</b> (1):426–30 (1993)
TAN.-.AGMT49	L19253	GAG	Hirsch, VM	<i>Virology</i> <b>197</b> (1):426–30 (1993)
TAN.-.AGMT9	L19254	GAG	Hirsch, VM	<i>Virology</i> <b>197</b> (1):426–30 (1993)
TAN.-.TAN17E	U04000	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
TAN.-.TAN40E	U04001	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
TAN.-.TAN49E	U04002	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
TAN.CF.AGMB05	M81070	ENV	Muller, M	<i>J Virol</i> <b>67</b> (3):1227–35 (1993)
TAN.CF.AGMB14	M80208	ENV	Nerrienet, E	Unpublished (1992)
TAN.UG.TAN1	U58991	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Stivahtis, GL	<i>Virology</i> <b>228</b> (2):394–9 (1997)
TAN.US.TAN1	AF395566	POL	Masciotra, S	<i>J Clin Microbiol</i> <b>40</b> (9):3167–71 (2002)
VER.-.VER1E	U04003	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
VER.-.VER2E	U04004	ENV	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
VER.-.VER2L	U04017	NEF	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935–47 (1994)
VER.DE.AGM3	M30931	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Baier, M	<i>Virology</i> <b>176</b> (1):216–21 (1990)
VER.ET.AGM691	M33719	NEF	Johnson, PR	<i>J Virol</i> <b>64</b> (3):1086–92 (1990)
VER.ET.AGM_VER-692	M29974	GAG	Johnson, PR	<i>J Virol</i> <b>64</b> (3):1086–92 (1990)
VER.ET.VER385E	U10898	ENV	Jin, MJ	<i>J Virol</i> <b>68</b> (12):8454–60 (1994)
VER.KE.1584	AF395564	POL	Masciotra, S	<i>J Clin Microbiol</i> <b>40</b> (9):3167–71 (2002)
VER.KE.AGM155	M29975	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Johnson, PR	<i>J Virol</i> <b>64</b> (3):1086–92 (1990)
VER.KE.AGM_VER-9063	L40990	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> <b>69</b> (2):955–67 (1995)
VER.KE.KENYA	AF395565	POL	Masciotra, S	<i>J Clin Microbiol</i> <b>40</b> (9):3167–71 (2002)
VER.KE.TYO1	BD092095	POL	Nakajima, T	Patent: WO 0078987-A
VER.KE.TYO1	X07805	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR	Fukasawa, M	<i>Nature</i> <b>333</b> (6172):457–61 (1988)
VER.KE.TYO1POL	AF395567	POL	Masciotra, S	<i>J Clin Microbiol</i> <b>40</b> (9):3167–71 (2002)
VER.KE.VER266E	U10896	ENV	Jin, MJ	<i>J Virol</i> <b>68</b> (12):8454–60 (1994)

## Other SIV protein alignment: GAG

SAB.SN. - .SAB1C	MGASNS .VLSGRKLDAFFESVRLLRPNQKKYKURHLWASKELDRFSLSANLLETKEGVVKILSVLPLVPTGSENLIALFNLCCVLACTHAIIKVKDTEAKAVKEEV .PAEMTESA . . . . .TAT	119
MND-1. GA. - .MND14CG	-NG-. -A-L-TD-K-KI-KRG--C-R-K-C-CKG--G-JK--QQ-YDQ-D-K-VETV-V--G-EL-S-QD-LK-L-VLRKE-KQ-DESK . . . . .	119
MND-2. CM. 98 .98CM16	--A-. G-R-E--EL-TI--S--Q-K-II-V--G-HEK--Q-CB--F--F--L-Y-T--L-V-T--K-EQCPFL-AKG--. . . . .	117
DRL. - .FAO	--A-G--R-E--K--S--VA--G-HER--SQ--CQ--G-F--S--T--VW-V-SKV--T--VQ--QICHLYVDKN-N-AS . . . . .	0
GSM.CM.99 .CM166	--RH-AM-T-T--RY-K--K--MIK--E-YA-DA--NO--GCR-BIVF-E--A-KS-GIVS-Y--D-O-E-Q--OO-RINCHE-TKGKEQ . . . . .	119
GSM.CM.99 .CM711	--RH-AM-T-T--RY-K--K--MIK--E-YA-DA--NO--GCR-BIVF-E--A-KS-GIVS-Y--D-O-E-Q--OO-RINCHE-TKGKEQ . . . . .	120
GRV.ET. - .GRI-677	--GGH-.A--S-T-KI--QIK-I-G-ME-G-HEK--CQ--IE-T-E--G-K--IW-O--VWV--QICHLYVDKN-K--. . . . .	118
TAN. - .AGMT17	--GH-.A--R-N-T-KI--Q-K-I\$-G-ME-G-HEK--CQ--IE-A-E--G-KS--IW-O--VWV--QICHLYVDKN-K--. . . . .	117
TAN. - .AGMT27	--SGH-.T--N-T-RI--Q-K-I-G-ME-G-HDK--CQ--IE-A-E--G-KS--IW-O--VWV--QICHLYVDKN-K--. . . . .	119
TAN. - .AGMT40	--EH-.A--N-T-KI--P--Q-K-I-G-ME-G-HDK--CQ--IE-A-E--G-KS--T--IW-V-Q--V-T--ROCHLYVKEK-T . . . . .	120
TAN. - .AGMT49	--GH-.A-T-N-T-KI--Q-K-I-G-ME-G-HDR--CQ--IE-A-E--G-KS-Y--IW-Q--V-T--QCHL-KEKT--. . . . .	120
TAN. - .AGMT9	--VGH-.A--N-KI--R--Q-K-T-ES--G-KS-VY-IW-Q--V-T--QCHL-KEKT--. . . . .	120
TAN.UG. - .TAN1	--GH-.A--N-T-KI--Q-K-T-G-ME-G-HEK--CQ--IE-T-E--G-KS--IW-O--VWV--QICHLYVDKN-K--. . . . .	120
VER.DB. - .AGM3	--AT-.A-NR-Q-K-HI--T--QIK-I-G-ME-G-HEK--SE--CK--IE-Y-E--G-KS--V--F-V-KDKE--V-T-ROCHLYVKEK-ER . . . . .	124
VER.ET. - .AGM.VER-692	--SGS-.A--O-HI--Q-K-T-G-ME-G-HEK--SE--CK--IE-Y-E--G-KS--V--F-V-KDKE--V-T-ROCHLYVKEK-ER . . . . .	117
VER.KE. - .AGM155	--AT-.A-NR-Q-E-HI--QIK-I-G-KM--G-HEK--E--CK--IE-S-E--GMKS-Y-V--V-T-ROCHLYVKEK-ER . . . . .	120
VER.KE. - .TY01	--AT-.A-NR-Q-Q-KI--QIK-I-G-ME-G-HEK--E--CKR--IE-Y-E--G-KS--V--Y-L-K-Q--V-T-ROCHLYVKEK--. . . . .	120
LST.CD.88 .SIVlhoest447	--AV-.A-K-Q-Q-KI--OLK-I-G-ME-G-HDR--ED-CR-IE-F-E--G-KS--V--Y-R-Q--V-T-ROCHLYVKEK--. . . . .	120
LST.CD.88 .SIVlhoest485	--SG-.RQIEGE-C-I--DS-T-OK--TR--G-G-H--AD-CR--G-CW--YS--K-VGTV--C-C-LG-A-Q-MQ-I-I-PTQE-R-Q . . . . .	114
LST.CD.88 .SIVlhoest524	--SG-.RQIEGE-C-I--GS-T-QR-I-T-OK--AD-CR--G-CW--YS--K-VGTV--C-C-LG-IAN-A-MQ-I-I-PTQE-R-Q . . . . .	114
LST.KE. - .SIVlhoest	--SG-.RQIEKD-C-U--GS-T-QR-VD-T-G-G-A-CR--G-RW-Y--K-K-VGTV--C-C-LG-R-N-Q-IN-I-QNKPV . . . . .	112
MAC.US. - .MM251	--R--.K-A-EL-KI--G--M-K-V-AN--G-AES--N-CO--A--KS-Y-TV--IW-E-H--OI-OR-HLVVE--. . . . .	118
MAC.US. - .MM239	--VR--.K-A-EL-KI--G--M-K-V-AN--G-AES--N-CO--A--KS-Y-TV--IW-E-H--OI-OR-HLVVE--. . . . .	114
STM.US. - .STM	--RS--.K-A-EL-K--G--M-K-V-AN--G-AES--S-CQ--IT-E--KS--TV--IW-E-H--OI-OR-HLVVE--. . . . .	114
SMM.US. - .SIVSNMH9	--VR--.K-A-EL-KI--G--M-K-I-AN--G-AES--N-CO--A--KS-Y-TV--W-E-H--OI-OR-HLVVE--. . . . .	114
H2A.GW. - .ALI	--R--.R-A-EL-KI--G--Q-K-I-AN--G-AES--S-CO--K-E--KS--TV--IW-E-H--G-QITIQR-HL-AB--. . . . .	114
H2A.SN. - .ST	--R--.R-K-A-EL-KI--G--R-K-I-AN--G-AES--S-CO--T-D--KS--TV--IW-E-A--Q--QR-HLVVE--. . . . .	114
H2A.DE. - .BEN	--R--.R-K-A-EL-K--G--R-K-I-AN--G-AES--S-CO--R-D--KS--TV--IW-E-E-A--Q--QR-HLVVE--. . . . .	114
H2B.GH.86 .D205	--RG--.K-T-EL-K--G--M-K-V-VN--G-AES--S-CO--K-A--KS--TV--IW-E-E-A--Q--QR-HLVVE--. . . . .	114
H2B.CI. - .EHO	--RG--.K-T-EL-K--G--R-M-K-V-VN--E-G-AER-GS--CR--RK-G--KS--TV--IW-E-E-A--Q--QR-HLVVE--. . . . .	114
H2G.CI. - .ABT96	--RS--.K-A-EL-K--G--M-K-V-AN--G-AES--S-CO--A--KS-Y-TV--IW-L-Q--H--QV--. . . . .	114
SUN.GA.98 .SIVSUN	--G-.TVDRREVRS--R-A-K-G--T-QA-V--G--G-NKE--R-V--CQ--CW-YAS--K-K-VGTV--C-QG-P--Q-LK-RL-PAK-EAQASQ . . . . .	118
RCM.NG. - .RCMNG409	--RA--.K--W-Q--G--M-K--CR--E-G-DT--NA-TQ--IG-I--G-KS--W-V-K-V--V-H-KQCHLYVDKN-N-EE . . . . .	119
COL.CM. - .COLCGU1	--NEOG.L-GKKT-EDLOK--KKGK-GC--IK-VR-MCT-VS-CV-IF-E-KSAT-AQ-EKVT-D-V-RS-YG--S-CY-L-RKWNIE-Q-EK-E-AYKKQA-I-M-SK . . . . .	121
SYK.KE. - .SYK173	--AG-AI-T-E-RY-KI--K--R-LW--K--DQ-M-S--CE--T--EAN--KS-GIIS-VWAV--KKE-E-Q-Q--ACNWDDPPATSGGQSENSSQNM	130

SAB.SN.-.SAB1C	SSGQTKELOAKKKNEPTVTPGGSRNYPTVSV.	248
MND-1.GA.-.MNDGB1	...AS.....E-EERKA-A--R-K---QIT--QTP--GI	224
MND-2.GA.-.MND14CG	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--SH-L-1---D---M-VL---Q-E---T--Q-Q--T-S---	224
MND-2.CM.98.98CM16	...AS.....E-EERKA-A--R-K---QIT--QTP--GI	237
DRL.-.SIVDRUGAG	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	20
DRL.-.FAO	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	31
GSN.CM.99.CM166	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	237
GSN.CM.99.CM711	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	241
GRV.ET.-.GRI-677	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	241
TAN.-.AGMT17	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	237
TAN.-.AGMT27	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	241
TAN.-.AGMT40	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
TAN.-.AGMT49	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
TAN.UG.-.TAN1	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
VER.DB.-.AGM3	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
VER.ET.-.AGM.VER-692	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
VER.KE.-.AGM155	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
VER.KE.-.TY01	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
LST.CD.88.SIVIhoest447	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
LST.CD.88.SIVIhoest485	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
LST.CD.88.SIVIhoest524	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
LST.KE.-.SIVIhoest	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
MAC.US.-.MM251	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
MAC.US.-.MM239	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
STM.US.-.STM	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
SMM.US.-.SIVSMMH9	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
H2A.GW.-.ALI	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
H2A.SN.-.ST	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
H2A.DE.-.BEN	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
H2B.GH.86.D205	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
H2B.CI.-.EHO	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
H2G.CI.-.ABT96	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
SUN.GA.98.SIVESUN	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
RCM.NG.-.RCMNG409	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
COL.CM.-.COLCGU	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243
SYK.KE.-.SYK173	...AS.....E-VQRAG-YQYI-I--IIQT--TV--WKP--I-L---T--Q-Q--T-QV-G-MP--G-LP--N-T-	243

## Other SIV protein alignment: GAG

SAB.SN.-.SAB1C	LAGTTSTIQEQUIWTT..RAQNAVNVGNTIYKGWILGLQKCVKMYNPVNILDIKQGPKEPFKDYVDRFYKALRAEQTDPAVKNWMTQSLLIQANPDKCTVLKGGMNPITLEMMTACQGIGGAQHKARL	376
MND-1.GA.-.MNNGB1	- - - - -VB--LA-MN-.MQ--I-T--S---MNRL--SHC-IS-T-VR--A-----NVM--ASGE--M-Q-H--E---E---E---V-P--	352
MND-2.GA.-.MND14CG	- - - - -S-E----Q-EQ--A--Q--V--S--	365
MND-2.CM.98.98CM16	- - - - -S-E----E-D-G-Q-V-S-	148
DRL.-.SIVDRUGAG	- - - - -S-E----P-D-I-AV-RQ-WV--R-T--V-	159
DRL.-.FAO	- - - - -S-E----DSI--A--RQ-WV--R-T--V-	365
GSN.CM.99.CM166	- - - - -V--PN--I--QN-P-AD-RK--R--G--E--F-C-A-Q--E--F-LI-AM-PGAN--V--E-LI-AM-PGAN--V--PT-S-	368
GSN.CM.99.CM711	- - - - -V--PN--I--QN-P-AD-RK--R--G--E--F-C-A-Q--E--F-LI-AM-PGAN--V--PT-S-	368
GRV.ET.-.GR1-677	- - - - -S-----F-N-NPRID-AQ-RK-V--V-Q--QKV--R-Q--AQD--T	365
TAN.-.AGMT17	- - - - -SV--F-N-TPK-D-R-SV--R-ISV--R-A-G--Q--R--POD--\$-BT--H-L--R--H--H--V--	367
TAN.-.AGMT27	- - - - -S-----F-N-NPK-D-R-SV--R-A-----PODE--ET--E--L--H--V--	371
TAN.-.AGMT40	- - - - -V--F-N-NPR-D-R-LR-R-V--ISV--R-A-----POD--ET--E--L--H--V--	371
TAN.-.AGMT49	- - - - -V--F-N-NPK-D-R-R-V--ISV--R-A-----POD--T--T--L--H--V--	371
TAN.UG.-.AGMT9	- - - - -SVA--T--R--F-N-NPR-D-R-R-V--ISV--R-A-----POD--ET--E--L--H--V--	371
TAN.UG.-.TAN1	- - - - -V--F-N-NPR-D-R-R-V--ISV--R-A-----POD--ET--E--L--H--V--	371
VER.DB.-.AGM3	- - - - -V--L--IY..T-NPR-D-A-RR--SV--R--A-----ASGE--Q--E--DT--ASOD--T	375
VER.ET.-.AGM.VER-692	- - - - -V--L--IY..T-NPRID-A-RR-V-A--R--TGV--R--R-S-S--SV--R--I--ASGE--Q--E--DT--ASOD--T	365
VER.KE.-.AGM155	- - - - -V--L--IY..T-NPR-D-A-RR--SV--R--I--ASGE--Q--E--DT--ASOD--T	371
VER.KE.-.TY01	- - - - -V--L--IY..T-NPR-D-A-RR--SV--R--I--ASGE--Q--E--DT--ASOD--T	371
LST.CD.88.SIVlhoest447	- - - - -V--L--IY..T-NPR-D-A-RR--SV--R--I--ASGE--Q--E--DT--ASOD--T	371
LST.CD.88.SIVlhoest485	- - - - -V--VE--LA--..T-DTP-D-K--E-V-QAME-V-RHQ--SVI--E-A--F--GGSHE--E--KEKM-V--RM--I-A--EGAS--MR	349
LST.CD.88.SIVlhoest524	- - - - -V--VE--LA--..T-DTP-D-K--E-V-QAME-V-RHQ--SVI--E-A--F--GGSHE--E--KEKM-V--RM--I-A--EGAS--D-MK--V--PA--GKI	349
LST.KE.-.SIVlhoest	- - - - -V--VE--LA--..T-DTP-D-K--E-V-QAME-V-RHQ--SVI--E-A--F--GGSHE--E--KEKM-V--M--I-A--EGAS--MK--V--PA--RKI	347
MAC.US.-.MM251	- - - - -VVD--O-MY--O-PIP--RR--O--R--T--V--OS--S--S--A--T--L--V--	363
MAC.US.-.MM239	- - - - -VSD--Q-MY--O-PIP--RR--Q--R--T--V--QS--S--A--T--L--V--	363
STM.US.-.STM	- - - - -SPE--Q-MY--O-PIP--RR--Q--R--T--V--T-QS--S--A--S--RT--L--	365
SMM.US.-.SIVSMMH9	- - - - -XD--Q-MX--O-PIP--RR--Q--R--T--V--S-QS--S--S--xI--T--L--	364
H2A.GW.-.ALII	- - - - -VE--Q-MF--PR-P-P--RR--QI--R--T--QS--S--S--S--I--V--PGQ--	364
H2A.SN.-.ST	- - - - -VE--Q-MF--PR-P-P--RR--QI--R--T--QS--S--S--I--V--PGQ--	364
H2A.DE.-.BEN	- - - - -VE--Q-MY--P-P-P--RR--QI--R--T--QS--S--S--I--V--PGQ--	364
H2B.GH.86.D205	- - - - -VB--Q-MY--P-P-P--RR--QI--R--T--QS--S--S--I--V--PGQ--	359
H2B.CI.-.EHO	- - - - -VB--Q-MY--P-P-P--RR--QI--R--T--QS--S--S--I--V--PGQ--	359
H2G.CI.-.ABT96	- - - - -E--Q--H--Q-PIP--x-RR--x--R-x-T--V--QS--S--Sx--T--L--	364
SUN.GA.98.SIVSUN	- - - - -V--VB--Q-IGLINGATR-A-OD--V-E-MERV-RLHQTTSVVE-R--R-T--F--SCSEB--E--KEKM-V--L--I-A--ET-S--MR--V--PS--GKI	352
RCM.NG.-.RCMNG409	- - - - -N-A--A--N-PIA--RN--V--A--	364
COL.CM.-.COLCGUI	- - - - -T-N-SVA-VA-GE.....PIA--R--VQS-E-VIQIAR-SSV--R-S-D-S--S--PAAGE1-A-ANN--H--RI--.OK-S-D-A--V--PD--KV	353
SYK.KE.-.SYKL73	- - - - -S-A--I--.QN-P-Q-E-RR--QV--S--I--HC--A-S-G-L-T--E-RQI-AMVK.--E--V--PL--K-387	387

SAB.SN.-.SAB1C	MAEAMTAAPQQTQVGNIFVQQG.....ARPRLGLGGGRPLNP.NIKCYNCGKPGHLARCKAAPP.	.RQGMWKGSSPDHQMKDCQ.....KQVNFLFGF..PNWGRGKPRNF
MND-1.GA.-.MNNGB1	-M--RTVVG-SQ...N----RGPQ---VRQPTG...RK.PI-F--N-E-V----F----	-K---N--AM--KAQ-BPKAQQR.QR----Y-.PNCP.S--G-Y
MND-2.GA.-.MNND14CG	-K---.KE-QSAV...MM-N...GEP---PROPP...RN.PR-P--RY-VL-DRL-P-----KK-F--DTG-M-RN-P.....M----NA.PNGS-----447	
MND-2.CM.98.98CM16	-MM-N...GEP---PROPP...RN.R-P-F-GL-D-IS--KK-F--DTG-I-RN-P.....M----NT.PNGS-----453	
DRL.-.SIVDRUGAG	-REQQAAI...MM-N.PPREGP-R-PPP...KQ.LR-P--QY-AL-Q-TK-----KK-F--FR-AL--MURN-P.....M----NA.PNGS-----236	
DRL.-.FAO	-REQQAAI...MM-N.PPREGP-R-PPP...K.PR-P--OF-TL-Q-TPKK-----KK-F--FR-AL--MURN-P.....M----NT.PNGS-----249	
GSN.CM.99.CM166	AT-LKG#L-YNNK...P.PG-----QK.TP----QF-D-PK.K.....ERK.F--BAG-FS-P-RGTGTP1-ELY-DL-RGR.RA-----455	
GSN.CM.99.CM71	AT#-R##-M-R...PPG-----QK.TP----QF-D-PK.K.....ERK.P--TAG-LARQ.TPKPA-EL-DL-RGR.RA-----458	
GRV.ET.-.GRI-677	V-M...SN.GQ-M-V----PQK...-RG-L-F--F-MQ-E-----V-M...SN.GQ-M-V----PQK...-RG-L-F--F-MQ-E-----447	
TAN.-.AGMT17	-MQEV-MI-GH-----SK-----.ERG.PPR-FK-QI-VQD-PRGG-----QIK.F--KLG-MA--K-NI...G-A--Y-H-GA-----447	
TAN.-.AGMT27	-NMQEV-MI-GP-----R-----.ERG.PPR-FK-QI-VQD-PRGG-----QIK.F--KLG-MA--K-NI...G-A--Y-H-GA-----453	
TAN.-.AGMT40	-NMQEVIT.M-A--...R-----.SRG.PVR-FR-OI-VQD-PRGG-----PTK.L--K-G-MA--RS...G-A--RM.T--S-----458	
TAN.-.AGMT49	-V-V----NMQEV-M-GP-----SR-----.ERG.PPR-FK-QI-VQD-PRGG-----PTK.L--K-G-MA--RS...G-A--RM.T--S-----456	
TAN.UG.-.TAN1	-V----NMQEVIT.M-A--...R-----.ERG.PTR-FK-QI-VQD-PRGG-----PNK.L-K-G-LA--RS...G-A--RM.PT.T-----458	
VER.DB.-.AGM3	-M----NMQEQ...NM----Q...PR...PV-----KMR-L--K-G-LA--R...G--Y...RNW.A-----456	
VER.ET.-.AGM.VER-692	-V-M...NMQEV-M-A...AA...GI...PR...PV-----PVU-LJ--K-G-FAR-R...G--Y...RNW.A-----457	
VER.KE.-.AGM155	-M----NLGSO...M----AA...AA...GI...PR...PV-----PVU-LJ--K-G-FAR-R...G--Y...RNW.A-----457	
VER.KE.-.TYO1	-M----TMQHQ...M----AA...AA...GI...PR...PV-----PVU-LJ--K-G-FAR-R...G--Y...RNW.A-----457	
LST.CD.88.SIVIhoest447	-M----NMQEQ...M-VT...PRNAQGFRVITG.GGPBK.PLT-F-----KIK-L--KLG-LA--R...G--Y...RNW.A-----458	
LST.CD.88.SIVIhoest485	AT-M-S-NRQ...M-VT...PRNAQGFRVITG.GGPBK.PLT-F-----KIK-L--KLG-LA--R...G--Y...RNW.A-----449	
LST.CD.88.SIVIhoest524	AT-M-S-NRQ...M-VT...PRNBQGFRVITG.GGPBK.PLT-F-----KIK-L--KLG-LA--R...G--Y...RNW.A-----449	
LST.KE.-.SIVIhoest	AT-M-G-MKHL.M--T...PRNAQGFRVITG.GGPBK.PLT-F-----KIK-L--KLG-LA--R...G--Y...RNW.A-----450	
MAC.US.-.MM251	AS-T--VROQ...M-VT...PLRNAQGFRVITG.GGPBK.PLT-F-----KIK-L--KLG-LA--R...G--Y...RNW.A-----450	
MAC.US.-.MM239	LKE-LAP...PI.PFAAQKRP...RK.P-W--E-S-O-R-----KIV-V-AK-PD...R-AG--L...PNCK.KP-----447	
STM.US.-.STM	LKE-LAP...PI.PFAAQKRP...RK.P-W--E-S-O-R-----KIV-V-AK-PD...R-AG--L...PNCK.KP-----447	
SMM.US.-.SIVSMMH9	LKEEV-P.DPL.PFAAQQQG...RR.TV-W--A-T-SQ--G-----QOG--AK-PE...R-G--L...PNCK.KP.H--448	
H2A.GW.-.ALI	LKD-LT-GPL.PFXAVQQRQG...KK.I-x-x-x-E-S-QFR-----KAG-V-AK-PE...R-AG--L...PNCK.KP-----448	
H2A.SN.-.ST	LKE-MAP.API.PFAAQQ...RR.T-W--E-S-Q-R-----K-G-L-AN-PE...R-AG--L...PNCK.KP-----448	
H2A.DE.-.BEN	LKE-MTP.API.PFAAQQ...RR.T-W--E-S-Q-R-----K-G-L-AN-PE...R-AG--L...PNCK.KP-----448	
H2B.GH.86.D205	LKE-MGP.SPI.PFAAQQ...RR.T-W--E-S-Q-R-----KAG-I-AK-PE...R-AG--L...PNCK.KP-----448	
H2B.CI.-.EHO	LKE-LTP.API.PFAAQK-G.K...RR.T-W--E-S-Q-R-----K-G-I-AN-PE...R-AG--L...PNCK.KP-----448	
H2G.CI.-.ABT96	LKE-LNP.TAL.PFAAQKQTG.G...RR.T-W--E-TV-Q-R-----KQG-I-SK-PE...R-AG--L...PNCK.KP-----443	
SUN.GA.98.SIVESUN	L--AS-R-VGRQAM--NLPPRNSQGRVIRG.GGPBK.PWT-F-----NO-RE.RK#.....#PDSG-----KMG-ROAQ-PO...G-----Y...PMNR.-P-G--456	
RCM.NG.-.RCMNG409	L----MAOSC-MA--.GPRP.GP.KQ-SQGGRP.FLR...T-T-Y-TN-----KK--R-DEG-L--P...E----SA.PWKQ-----455	
COL.CM.-.COLCGUI	L----QOF-E.RTNMI.....EVK.TA-F.QGI-M-PKPIGGAGRGRGGFRGAPRPRV-FT-NQEGR-MQR--PN...-A--ATRGVEL.QTAIFP-----453	
SYK.KE.-.SYK173	VM-Q-S...VNMV...GPSK.G.....RS.M--QI-MQD-.KPLKA.....K-FN-T-KTG-LARA-RQPKRNQGPPVQAFLNGWGVSR-PP 476	

## Other SIV protein alignment: GAG

SAB.SN.-.SAB1C	PL...T..SIRPTAPPMERDYSRPEENWYADPPTRGPDPPATALLQKAYVQGKQKQWN...HSPQOSPYEEAYSSIRSLSLFGED..Q.	554
MND-1.GA.-.MNDGB1	-.....AQEVT----L-.....EKEPLQKUTLSITYQ-LGRGLRQKM-EEKR.....-DFH--ST-Q---\$	502
MND-2.GA.-.MND14CG	-AM....PLT-S---P.....GNEDEPAEMLDYMKGQO-KA.ESK-EK.....KDGG-A-N-S---T-QI-\$	519
MND-2.CM.98.98CM16	-AM....PLT-S---P.....GNEDEPAEMLDYMKGQO-KA.ESK-EK.....KERG-A-N-S---T-QI-\$	300
DRL.-.SIVDRUGAG	-.....QA-LT-S---P.....GYAEDPAEMLQKRYME-GGQ-KRQ-R--Q-.....OKGG-D-N-S---S-QI-\$	316
DRL.-.FAO	-.....QA-LT-S---P.....GYLQEDPAEMLQKRYME-G-Q-KRQ-R--Q-.....KRG-N-S---S-QI-\$	321
GSN.CM.99.CM166	-.....VTFLL--AE.....E-QLQNLSTPVGPBQPS-EQKESKR.....NTL-P-S-----\$	512
GSN.CM.99.CM711	-.....VTFLL--AE.....E-QLQNLSTPVGPBQPS-EQKESKR.....NTL-P-S-----\$	509
GRV.ET.-.GRI-677	VOYQGDITVLE.....AYDPAKKLQIQQAYEKGQURERE-TRK.....QEKEV..EDV-S---G-----	513
TAN.-.AGMT17	L.....EQGAV--TA.....AHGFPPTGPPIVAGAYDPAKRLQIQQYA-KGDQIQR.....-KEK-LEDY-S-----	513
TAN.-.AGMT27	L.....EQGAV--KK-P.....AHVPTPTGPPIVAGAYDPAKRLQIQQYA-KEDQIQR.....-KEK-LEDY-S-----	524
TAN.-.AGMT40	L.....EQGAV--P.....THGFPPTGPPIVAGAYDPAKRLQIQQYA-KGDQIQR.....-KEK-LEDY-S-----	522
TAN.-.AGMT49	L.....EQGAV--RLP.....THGVGTPPSWLRGAYDPAKRLQIQQYT-KGDQIQR.....-KEK-LEDY-S-----	525
TAN.-.AGMT9	L.....EQGAV--DP.....AHGFPPTGPPIVAGAYDPAKRLQIQQYA-KGDQIQR.....-KEK-LEDY-S-----	522
TAN.UG.-.TAN1	L.....EQGAV--P.....AHGFPPTGPPIVAGAYDPAKRLQIQQYA-KGDQIQR.....-KEK-LEDY-S-----	523
VER.DB.-.AGM3	.....AATLGVE--PP.....SPYDPAKKLQIQQY-DKGKQUREQPK-P.....-ATN-DVTEGY-N-----	521
VER.ET.-.AGM.VER-692	L.....EHRRAV--S---PP.....HN-GAYDEAFLRQY-EKYGQIQLQIQQY-DKGKQUREQPK-P.....VEKSS-AGR--EDY--K-----	513
VER.KE.-.AGM155	-.....AATLGAE-S---PP.....NNSTPYDPAKKLQIQQY-EKGKQMRNQNRN.....P-ANN-DVNEGY-N-----	520
VER.KE.-.TY01	-.....AATLGAE-S---PP.....SGTIPYDPAKKLQIQQY-EKGKQIQLQIQQY-EKGKQUREQPKR.....P-ANN-DVTEGY-N-----	519
LST.CD.88.SIVIhoest447	.....T-PIN-DWAEGY--N-----	519
LST.CD.88.SIVIhoest485	.....T-PIN-DWAEGY--N-----	512
LST.CD.88.SIVIhoest524	.....T-PIN-DWAEGY--N-----	512
LST.KE.-.SIVIhoest	-.....S-PTKAERALETYRTL-G-QLKRQQQVPV-KCVD-PCLNPF.....P-FF-PD--\$	511
MAC.US.-.MM251	-MA.OVHOGLT----ED.....PAVDLKKNYNQMGKORR...ESE-E-P.....YKEVTDLIIH-N---G-----	506
MAC.US.-.MM239	-MA.QVHQSM----ED.....PAVDLKKNYNQMGKORE--RESE-E-P.....YKEVTDLIIH-N---G-----	510
STM.US.-.STM	-MA.QIPOGHT----ED.....PAVDLKKNYNQMGKQR.....ESRKTP.....YKEVTDLIIH-N---G-----	507
SMM.US.-.SIVSNMH9	-MA.QMPQGHT--x-ED.....PAVDLKKNYNQMGKQR.....ENERP.....YKEVTDLIIH-N---G-----	507
H2A.GW.-.ALI	-VT.RVPQGLT--A.....PAADLLEQYMQGKOREQPERYKEVETDLIILEQET.PHEKET-DLIIH-N---K-----	521
H2A.SN.-.ST	-VA.QIPOGHT--ID.....PAADLLEQYMQGKOREQPERYKEVETDLIILEQET.PHEKET-DLIIH-N---K-----	521
H2A.DE.-.BEN	-VT.QAPOSEI----AD.....PAADLLEQYMQGKOREQPERYKEVETDLIILEQET.PHEKET-DLIIH-N---K-----	521
H2B.CH.86.D205	-MT.QVPQGFT-S---N.....PAADLLEQYMQGKOREQPERYKEVETDLIILEQET.PHEKET-DLIIH-N---K-----	521
H2B.CI.-.EHO	-V.QAPOSEI-V-S---N.....PAADLLEQYMQGKOREQPERYKEVETDLIILEQET.PHEKET-DLIIH-N---K-----	519
H2G.CI.-.ABT96	-MT.QVPQGLT-S---D.....PAVDLKKNYNQMGKORE.....ORNKPKYEVTxXLIIH-S---D--\$	509
SUN.GA.98.SIVESUN	-VM.....S---L.....DLTIGNRM--T-PL-.....G-GLRAQQRKERGEQ-PCL..NM--P--..P\$	520
RCM.NG.-.RCMNG409	-.....T-L-.....G-.....NAWNPOY--BEM--K-LAL-RQH.K-E-RKENKERVGR-A-D-L--N--S--L\$	523
COL.CM.-.COLCGU1	-KM.....SKDL--RR.....EKGESLYPSL..K--D---\$	482
SYK.KE.-.SYK173	ANF...PVRSE-S---L-.....DIEDGPWLTWSAQMSQQAQAKAQNNSPKKPTNREVSPKESSGKE-TKSLYPSLSSLFGED-\$	554

## Other SIV protein alignment: POL

587

		Protease active site
SAB. SN. - .SAB1C		FRVWPLGQRETQEPFPSDLHQTNSSPNTGLQQAGGKLVCROTSDQRTRARRSSNSPVKAVCCSGETAETAVAKPL. ATT. EPLRGGLQLPQVSL. .WRRPMKTVYIEGQKVTAALLDGAQDSVQGTELG
COL. CM. 00. COL243		1.26
COL. CM. 01. COL247		0
COL. CM. 99. COL111		0
DEB. CM. 01. DEB1083		0
DEB. CM. 01. DEB1161		0
DEB. CM. 01. DEB1104		0
DEB. CM. 99. DEBN40		0
DEB. CM. 99. DEBN11		0
DRL. CM. - .SIVDR006		0
DRL. CM. - .SIVDR007		0
DRL. CM. - .SIVDR1207		0
DRL. CM. - .SIVDRGAG		0
GRV. ET. - .GRI-677	-ECS - W - K - S - G - TDPI - T - ARVCTR . SRENA - AVHAG - AAEITT	EAAT - EE .GSLR .RLOPQFSL .RL - TTV .A - D - - - - T - - - - G - E
GSN. CM. 99. CM166	-RS - KK - .CATQRHH - WSGTNS . . . . .	R - I - -TP - Q - - - - TI - EKD - H
GSN. CM. 99. CM71	-P - GAPSP - LS - NEPA - PGG - -RTB - AQ	SRGTPEQ .G EG .GEQEHSLSP - ISL .G - E S - G - V - SM - - TIV - DSAIE
GSN. CM. 99. GSNCN166	-P - GAT - SP - LS - NFPAAT - PGG - G .GTF - AQ	97 96 96
GSN. CM. 99. GSNCN71	-PV - A . . . . .	TIV - DSAIE
GSN. CM. 99. GSNCN7	- . . . . .	0
LST. CD. 88. SIVI hoest447	WSERKLSEFG - E - -SSTIIS . PGNGN . . . . .	106 106 106
LST. CD. 88. SIVI hoest485	-LS - NEPA - PGG - -RTB - AQ	TIESENNSVR
LST. KB. - .SIVIhoest524	-P - GAT - SP - LS - NFPAAT - PGG - G .GTF - AQ	P-S - R - TIESENNSVK
MND-1. GA. - .SIVMND17B	-# - S - E - . . . . .	107 107
MND-1. GA. - .SIVMND17D1	. . . . .	TIESENNSVR
MND-1. GA. - .SIVMND17D2	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17D	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17G	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17L	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17P	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17Q	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17R	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17S	. . . . .	0
MND-1. GA. - .SIVMND17T	. . . . .	0
MND-2. GA. - .SIVMND7	. . . . .	0
MND-2. GA. - .SIVMND9	. . . . .	0
MND-2. CM. - .SIVMND3.0.2	. . . . .	0
MND-2. CM. 00. MND2S4.6	. . . . .	0
MND-2. CM. 00. MND2S6	. . . . .	0
MND-2. CM. 01. MND2S1.9	. . . . .	0
MND-2. CM. 98. 98CM16	. . . . .	0
MND-2. CM. 99. 99CM31	. . . . .	0
MND-2. CM. 99. 99CM32	. . . . .	0
MND-2. CM. 99. 99CM33	. . . . .	0
MND-2. CM. 99. 99CM35	. . . . .	0
MND-2. GA. - .MND14CG	. . . . .	0
MND-2. GA. - .SIVMND13	. . . . .	0
MND-2. GA. - .SIVMND15	. . . . .	0
MND-2. GA. - .SIVMNDPG13	. . . . .	0
MND-2. US. - .SIVMNDBK	. . . . .	0
MON. CM. 99. MONCML1	. . . . .	0
MUS. CM. 01. MUSS1085	. . . . .	0
MUS. CM. 01. MUSS1239	. . . . .	0
RCM. NG. - .RCMNG409	-ECS - EAG - AE - -F - PLA - IC - RD - KCMESS . VRSGRGDKEKIPSIGOTAQ . . . . .	G - EEEQG . GESG . EGLRSVLPQFSL . K - VTW . E - - - - T - - - - IE
TAL. CM. 00. TAL266	-ECS - EAG - E - PSL - FLE - IC - REFRMPEP . VRSR - DAQEPTSIGTQAQ . . . . .	G - ERREQ . GESG . ESLR . CVVLPQFSL . K - VTW . E - - - - E - - - - CT - - , N - D
TAN. TG. - .TAN1	#MPLEQ . AARELIS . SHAF - SASRGSDIGEONDTPVKGRESSCDLQTVRTGHQST . EEEGKGMSG . AMLEYAL . S - - - - TIVSESDSVS	1.05
TAN. US. - .TAN1	-ENANLNKAQ . F . PARRSR . DGSDDA . . . . .	0
VER. DB. - .AGM3	-VDPGK - - - - -	0
VER. KE. - .1584	-SRRY - WGGAN . . . . .	APSTE . . . . .
VER. KE. - .AGM155	-VDPGK - KK - . . . . .	SRSR . WGGPK . . . . .
VER. KE. - .AGM VER - 9063	-VDPGK - EKL . . . . .	APSTE - L . YTLRP - KEAAPAVCR - RETNEKSEOK . PPSEOSRLERGIFELP - . . . . .
VER. KE. - .KENYA	-VDPGK - . . . . .	IR - CI - G - TA - K - - - - TI - KTD - Q
VER. KE. - .TYO1	-VDPGK - EK . . . . .	RAST - . . . . .
	-VDPGK - EK . . . . .	TI - KETDIQ
	-VDPGK - EK . . . . .	ASSTECH . . . . .
	-VDPGK - EK . . . . .	HPIRP - KEAAPAVCR - RET - EG - EE . S - GN . SGLDGIFELP . . . . .
	-VDPGK - EK . . . . .	VPIK . . . . .
	-VDPGK - EK . . . . .	TI - KEND - Q

## Other SIV proteins

## Other SIV protein alignment: POL

SAB . SN . - .SAB1C	DN . . . WKDRIIGGIGCINVAYHNOEVKIEDKTKATILVGET . PVNLIGRNVLAQLGV . . . . .	247
COL . CM . 00 . COL243	COL . CM . 01 . COL247	0
COL . CM . 01 . COL247	COL . CM . 99 . COL11	0
DEB . CM . 01 . DEB1083	DEB . CM . 01 . DEB1161	0
DEB . CM . 01 . DEB1014	DEB . CM . 99 . DEBN40	0
DEB . CM . 99 . DEBN41	DEB . CM . 99 . DEBN45	0
DRL . CM . - .SIVDRLL006	DRL . CM . - .SIVDRLL007	0
DRL . CM . - .SIVDRLL007	DRL . CM . - .SIVDRLL207	0
DRL . . . - .SIVDRAG	LKGR . . . - Q . . . - T . . . - Q-F-CR1E-AG-VTH-NV - P# . . . - CK-A . . . - FPVSQL . . . V . . . - T . . . - V . . . - K-K . . . - RQ . . . - EM . . . - E-QIS . . . - RQ . . . - EM . . . - E-QIS . . . - 230	
GRV . ET . - .GRL-677	FPPHKP-RESKV . . . - G-H-E-OGVQ-QL . . . - IITGS--I-S- . . . - I . . . - A-M . . . K-VNGVLSSQIEET- . . . - Q-E-K . . . - KLUK- . . . - R . . . - TE . . . - KQM-EE-K-S-G . . . - S . . . - 237	
GSN . CM . 99 . CM7166	LDTP . . . - T-KMV . . . - L-Q-BEHKHV . . . - IFEV-RI . . . - V . . . - P . . . - L . . . - C-SK . . . - MV . . . - OK . . . - E-A-KB . . . - K-K . . . - R . . . - TO-TOEMLRL-Q-K . . . - K . . . - S . . . - 220	
GSN . CM . 99 . GSNCN166	LDTP . . . - T-KTV . . . - L-Q . . . - EHRHV . . . - IFEV-RI . . . - V . . . - P . . . - L . . . - C-SK . . . - MV . . . - QKL . . . - V . . . - E . . . - S-KE . . . - K-K . . . - TQ-TQEML-L-Q-K . . . - K . . . - S . . . - 219	
GSN . CM . 99 . GSNCN71	GSN . CM . 99 . GSNCN77	0
LST . CD . 88 . SIVlhoest447	LEG . . . - YT . . . - VV . . . - O-R-E-KDVFIE-AG . . . - TVG-V-L-P . . . - D-V . . . - I-TNV-A . . . R-V-S-LSDKI . . . - T-K . . . - C . . . - VK . . . - G-Q . . . - DR . . . - B-KLSKADAS . . . - I . . . - 231	
LST . CD . 88 . SIVlhoest485	LEG . . . - YT . . . - VV . . . - O-R-E-KDVFIE-AG . . . - TVG-V-L-P . . . - D-V . . . - I-TSV-A . . . K-V-A-LSDKI . . . - T-R . . . - C . . . - VK . . . - G-Q . . . - DR . . . - E-KIKADAG . . . - I . . . - 232	
LST . CD . 88 . SIVlhoest524	LEG . . . - YT . . . - VV . . . - O-K . . . - EFRDVFIQ-AG . . . - TVG-V-L-P . . . - D-V . . . - I-NP-A . . . R-V-A-LS-KI . . . - T-C . . . - VK . . . - G-Q . . . - DR . . . - E-KISPVG-D . . . - I . . . - 228	
LST . KE . - .SIVlhoest	LEG . . . - YT . . . - VV . . . - Q-R-E-RDVFIE-AG . . . - TVG-V-L-P . . . - D-V . . . - I-TAM-A . . . K-I-A-LSDKI . . . - T-S . . . - C . . . - VK . . . - G-Q . . . - DR . . . - E-KISPVG-G . . . - I . . . - 0	
MND . 1 . GA . - .SIVMND17B	LKGN . . . - Q-K . . . - NLR . . . - Q-D-VY-E-RG-GTFG-V-I-P . . . - ID . . . - IMEK-G . . . K-I-A-LSDKI . . . - T-K . . . - V . . . - K . . . - VG-QK . . . - DR . . . - EE-KIS-VD-G-N . . . - I . . . - 0	
MND . 1 . GA . - .SIVMND17D1	MND . 1 . GA . - .SIVMND17D2	0
MND . 1 . GA . - .SIVMND17D	MND . 1 . GA . - .SIVMND17G	0
MND . 1 . GA . - .SIVMND17	MND . 1 . GA . - .SIVMND17	0
MND . 1 . GA . - .SIVMNDL004	MND . 1 . GA . - .SIVMNDL004	0
MND . 1 . GA . - .SIVMNDL006	MND . 1 . GA . - .SIVMNDL007	0
MND . 2 . GA . - .SIVMND7	MND . 2 . GA . - .SIVMND9	0
MND . 2 . GA . - .SIVMND9	MND . 2 . CM . - .SIVMND302	0
MND . 2 . CM . - .SIVMND302	MND . 2 . CM . 00 . MND2346	0
MND . 2 . CM . 00 . MND2346	MND . 2 . CM . 00 . MND2356	0
MND . 2 . CM . 01 . MND23109	MND . 2 . CM . 98 . 98CM16	0
MND . 2 . CM . 98 . 98CM16	MND . 2 . CM . 99 . 98CM31	0
MND . 2 . CM . 99 . 98CM31	MND . 2 . CM . 99 . 98CM33	0
MND . 2 . CM . 99 . 98CM33	MND . 2 . CM . 99 . 98CM35	0
MND . 2 . CM . 99 . 98CM35	MND . 2 . GA . - .MND14CG	0
MND . 2 . GA . - .MND14CG	LGTN . . . - Q . . . - A-R . . . - Q-F-CR1TAG-STH-SV . . . - P . . . - KK-C . . . - FPIISKI . . . TV . . . - T . . . - M . . . - K . . . - L . . . - OT . . . - DEM . . . - E-KIS . . . - 228	
MND . 2 . GA . - .SIVMND13	MND . 2 . GA . - .SIVMND15	0
MND . 2 . GA . - .SIVMND15	MND . 2 . US . - .SIVMNDPG13	0
MND . 2 . US . - .SIVMNDPG13	MND . 2 . US . - .SIVMNDDBK	0
MON . CM . 99 . MONGML1	MUS . CM . 01 . MUSS1085	0
MUS . CM . 01 . MUSS1239	MUS . CM . 01 . MUSS1239	0
RCM . NG . - .RCMNG409	LEGN . . . - K . . . - Y . . . - Q-NHCKIT-AG . . . TY-HV . . . - HK-A . . . S-FPISKA . . . TV . . . - E . . . - VK . . . - IE . . . - NAM . . . E-KIS . . . - I . . . - 233	
RCM . NG . - .RCMNG411	LEGN . . . - K . . . - Y . . . - QFNHCKIT-AG . . . TH-HV . . . - SK-A . . . - S-FPISKA . . . T-E . . . - E-VK . . . - VK . . . - IE . . . - NAM . . . E-KIS . . . - I . . . - 233	
SUN . GA . 98 . SIVSUN	LEGH . . . - VV . . . - Q-R-E-ADVFT-E-R . . . - ATG-V . . . - P . . . - D . . . - I-SA . . . G . . . R-V-ATLS-KI . . . - T-K . . . - E-AA . . . KVK . . . - R . . . - G-QK . . . - DR . . . - AE-KIS-AD-G . . . - I . . . - 230	
TAL . CM . 00 . TAL266	TAL . CM . 00 . TAL271	0
TAN . UG . - .TAN1	LEGR . - R-KV . - G-S-Q-D-TL-N-DG-ETRGNV . I-P . - I-V . - I-P-A . . . R-IMG-LN-KI . - T-Q . - MS . - KLUK . - E . . . - K . . . - TE-TQA . . . - E-KISKV-G . . . - 0	
TAN . US . - .TAN1	LEGR . - R-KV . - G-S-Q-D-TL-N-DG-ETRGNV . I-P . - I-V . - I-P-A . . . R-IMG-LN-KI . - T-Q . - MS . - KLUK . - E . . . - K . . . - TE-TQA . . . - E-KISKV-G . . . - 0	
VER . DE . - .AGM3	LSGT . . . - K . . . - GL . . . - E-SDR . - RL . . . - ILRG . - I-S . . . - I . . . - I-PA-A . . . K-VMG-LS-QI . - TP-K-E-AR . - FLK . . . - K . . . - QB . . . - DQ . . . - E-KISK-G-A . . . - 232	
VER . KE . - .1584	LGGS . - R-K-V . - GL . . . - E-D-V . - ILRG-V-I-A . . . - F-A-A . . . K-VNG-LSQI . - TP-R-E-AR . - LK . . . - I . . . - QB . . . - KT . . . - EE-K-S-V-GD-A . . . - 235	
VER . KE . - .AGM15	LTGP . - R-KV . - GL . . . - E-S-V . - ILRG-V-L-A . . . - I-L . . . - PA-A . . . R-VNG-LS-QI . - TP-K-D-AR . - H-K . . . - K . . . - TE . . . - Q . . . - E-KISK-G-A . . . - I . . . - 232	
VER . KE . - .AGM . VER-9063	LSGP . - R-K . . . - GL . . . - E-NDR . . . - ILRG . - L-A . . . - L . . . - DAVP . . . R-VNG-LS-KI . - VTP-K-E-AR . - CV . . . - QE-SQ . . . - QE-KIS-V-G-A . . . - I . . . - 235	
VER . KE . - .KENYA	VER . KE . - .TYO1	0

## Other SIV protein alignment: POL

589

	Polymerase motif:	369
SAB. SN. -.SAB1C	AIRKKDKTQWRLMDFRQLNKSTQDFQEVQLGIPHPAG	
COL. CM. 00. COL243	..	0
COL. CM. 01. COL247	..	0
COL. CM. 99. COL111	..	0
DEB. CM. 01. DEB1083	..	0
DEB. CM. 01. DEB1161	..	0
DEB. CM. 01. DEB11014	..	0
DEB. CM. 99. DEBN40	..	0
DEB. CM. 99. DEBNES1	..	0
DRL. CM. -.SIVDRL006	..	0
DRL. CM. -.SIVDRL007	..	0
DRL. CM. -.SIVDRL207	..	0
DRL. CM. -.SIVDRUGAG	..	0
GRV. ET. -.GRI-677	C-K---GVK---K-V-----A-----F-----G-----KAC-----V-----R---#Y-----R-----N-----A-----A-----D-----P-----E-----I-----	353
GSN. CM. 99. CM166	-K-----M-V-B-A-P-----KKK-----Y-I-CKE-R--..	359
GSN. CM. 99. CM71	-K-----S-M-I-K-EA-LA-----IHPAG-E-K-HV-II-MK-Y-I-YE-R-----SV-----QA-AE-F-----A-----NIVASL-ROI-DQE-VLI-----	348
GSN. CM. 99. GSNCN166	-K-----S-M-I-K-EA-LA-----E-K-HV-II-MK-Y-I-YE-R-----SV-----QI-AE-F-----A-----A-VASL-YQI-DQE-V-I-----	341
GSN. CM. 99. GSNCN71	..	0
GSN. CM. 99. GSNCN7	..	0
LST. CD. 88. SIVIhoest447	-K-----NE-K-T-----AU-H-----AL-LH-----V-----YRQ-----V-----I-----YRQ-----V-----R-----N-----C-----A-VASL-S-----KL-----ILL-----	353
LST. CD. 88. SIVIhoest485	-K-----NE-K-T-----AU-LH-----V-----YRQ-----V-----I-----YRQ-----V-----R-----N-----C-----A-VASL-S-----KL-----ILL-----	353
LST. CD. 88. SIVIhoest524	-K-----NE-K-T-----K-EL-----H-L-----V-----YRQ-----V-----I-----YRQ-----V-----R-----N-----C-----C-VSGI-----A-KL-----ILL-----	354
LST. KE. -.SIVIhoest	-K-----NE-K-T-----K-EL-----H-L-----V-----YRQ-----V-----I-----YRQ-----V-----L-----Q-----K-----N-----C-----G-VASL-----S-----KL-----MT-----	350
MND-1. GA. -.SIVMND17B	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17D1	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17D2	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17D	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17G	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17P	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17Q	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17P	..	0
MND-1. GA. -.SIVMND17Q	..	0
MND-2. GA. -.SIVMND7	..	0
MND-2. GA. -.SIVMND9	..	0
MND-2. CM. -.SIVMND3.0.2	..	0
MND-2. CM. 00. MND2S4.6	..	0
MND-2. CM. 00. MND2S6	..	0
MND-2. CM. 01. MND2S1.9	..	0
MND-2. CM. 98. 98CM16	..	0
MND-2. CM. 99. 99CM31	..	0
MND-2. CM. 99. 99CM32	..	0
MND-2. CM. 99. 99CM33	..	0
MND-2. CM. 99. 99CM35	..	0
MND-2. GA. -.MND14CG	..	0
MND-2. GA. -.SIVMND13	..	0
MND-2. GA. -.SIVMNDPG13	..	0
MND-2. US. -.SIVMNDBK	..	0
MON. CM. 99. MONCML1	..	0
MUS. CM. 01. MUSS1085	..	0
MUS. CM. 01. MUSS1239	..	0
RCM. NG. -.RCMNG409	C-K---S-K-V-----E-R-----F-----G-----KKCK-----YEP-R-----AI-----QG-----N-----A-----Q-----EP-----KE-----TL-----	355
RCM. NG. -.RCMNG411	C-K---S-K-V-----E-R-----F-----G-----KKCK-----YEP-R-----AI-----QG-----N-----A-----Q-----EP-----KE-----V-----	355
SUN. GA. 98. SIVSUN	-K-----NE-K-I-----V-GM-----H-L-----V-----YR-----KKCK-----V-----V-----YR-----KKCK-----V-----C-----G-VASL-----E-----QY-----E-----OL-----	352
TAL. CM. 00. TAL266	..	0
TAL. CM. 00. TAL271	..	0
TAN. TG. -.TAN1	C-----M-I-----A-----A-----KRKK-----Y-I-----E-RP-----Q-----VG-----FNG-----H-----QSV-----K-----IGK-----VQ-----LE-----I-----	357
TAN. US. -.TAN1	..	0
VER. DB. -.AGM3	C-K---S-M-V-----E-A-----F-----S-----FKEMTB-----Y-I-----E-R-----QG-----T-----FNG-----N-----AS-----E-----IKKELKPLT-----V-----	354
VER. KE. -.1584	..	0
VER. KE. -.AGM155	C-----S-M-V-----E-A-----F-----G-----K-CR-----V-----T-----EG-----FNG-----N-----S-----E-----IKKELKPLT-----V-----	357
VER. KE. -.AGM VER-9063	C-----M-V-----E-V-----F-----Y-----E-R-----QG-----V-----FNG-----N-----A-----E-----IKKELKPLT-----V-----	354
VER. KE. -.KENYA	..	0
VER. KE. -.TYO1	C-----S-M-V-----E-A-----F-----RKM-----V-----T-----QG-----Y-----N-----R-----FNG-----N-----AS-----E-----IKRN1-----ALT-----V-----	357

## Other SIV proteins

### Polymerase motif

SAB.SN.-.SAB1C	-	496
COL.CM.00.COL243	MDDMILIASDRPKAEHLYMVQQLRDXLETWGFKTPPEKKFQDPPYLMGYELPKWQLOQEITLPE..REEWTVNDIQKLVGKLNAWSQITYGKTKHLGRLIR.GARPITEVQTEAELEENRQIL	0
COL.CM.01.COL247	.....	0
COL.CM.99.COL11	.....	0
DEB.CM.01.DEB1083	.....	0
DEB.CM.01.DEB1161	.....	0
DEB.CM.01.DEB1014	.....	0
DEB.CM.99.DEBCN40	.....	0
DEB.CM.99.DEBCN5	.....	0
DRL.CM.-.SIVDR006	.....	0
DRL.CM.-.SIVDR007	.....	0
DRL.CM.-.SIVDR1207	.....	0
DRL.-.SIVDRGAG	.....	0
GRV.ET.-.GRI-677	-LFVG---HI-DQ-IKE-AH-KP-IE-D-E--EN--E--O-H--TV--K--KET.-----V-----S-----E-K----K-D-E-E-R-----Y----L-	480
LST.CD.88.SIVIhoest447	--IWL---HDETR-NQQ-DIV-KM-LBK-LE--D-V-RE-WF--K-H-N-TINK-E-PL-BG--K--V--V--P--T-AML--KKN-L-ETIV--A-YKN-QG-V	487
LST.CD.88.SIVIhoest485	--L-G--KLG--RQV-HKL-NL-TSYNQ-A-H-P-Y-VK-L-H-G-R-PVE-D-QDT	475
LST.CM.99.CM71	--L-G--KL--RQV-HKL-NL-TSYNQ-A-H-Q-Y-VR-L-H-G-R-PVE-D-QDI	468
LST.CM.99.GSNQN166	.....	0
LST.CM.99.GSNQN71	.....	0
GSN.CM.99.GSNQN7	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND17B	--LF-G--D-KG-DQA-KE--L-V--NL--AE--H--V-H-DR-EIETKT-DDILOKT--N--V--A-L-E-R-E-K--VKA-D-V-T--DA-L-E-R-E-K--VKA-E-V-T--DA-L-E-R-E-K--V-K-EQL-T-DR-E-K--E--V--A-L-D-R-E-K--V-H-DR-EIETK-K--MDLTKT--Q--V--A-L-D-R-E-K--V-K-E-IN--LE-YQ-Q-KEV-	479
MND-1.GA.-.SIVMND17D1	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND17D2	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND17D	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND17G	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND17	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND10P4	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND10P6	.....	0
MND-1.GA.-.SIVMND17	--LFVG--YTAE-EKAV--AL-M--NL--E--Y--E--FH--H-D--KIEKVQ--LAB.QP--E-----A-L-P-----Q--K----GLNI--K-TM---R--Y--Q--KE--	474
MND-2.GA.-.SIVMND7	.....	0
MND-2.CM.-.SIVMND9	.....	0
MND-2.CM.-.SIVMND3.02	.....	0
MND-2.CM.00.MND2S46	.....	0
MND-2.CM.00.MND2S6	.....	0
MND-2.CM.01.MND2S1.9	.....	0
MND-2.CM.98.98CM16	.....	0
MND-2.CM.99.99CM31	.....	0
MND-2.CM.99.99CM32	.....	0
MND-2.CM.99.99CM33	.....	0
MND-2.CM.99.99CM35	.....	0
MND-2.CM.99.MND254	.....	0
MND-2.GA.-.MND14CG	.....	0
MND-2.GA.-.SIVMND13	.....	0
MND-2.GA.-.SIVMNDPG13	.....	0
MND-2.GA.-.SIVMNDPK	.....	0
MON.CM.99.MONCM11	.....	0
MUS.CM.01.MUSS1085	.....	0
MUS.CM.01.MUSS1239	.....	0
RCM.NG.-.RCMNG409	--LFVG---TEY-NELIKR-KH-LA---E-D---EK--FE---V-H-D-TV--K---KEE.-----S-----E-K----VKA-D-K-VF-R-----Y--KI--	482
RCM.NG.-.RCMNG411	--LFVG---TAH-SQ-IKR-EH-L---E-D---DK--FE--V-H-D-TV--K-L-KEE.-----S-----E-K----VKA-DDK-EF-F-R-----Y--KAV-	482
SUN.GA.98.SIVSUN	--L-G--YE-KK-EE1-K--QL-ME-NLE--Y-GB--K--I-H-DR-EIETK-K--PLEE.-----I-VI-----L-E-LR-E-K--NK-A-K-M--RE-YQS-QEV-	480
TAL.CM.00.TAL266	.....	0
TAL.CM.00.TAL271	.....	0
TAN.UG.-.TAN1	--W-G--L-EK--DEK-EEV-KL-LLR--E--D--V--R--D--K--SH-S-NK-EI--Q-H----V--L-P-----A-K-L--QD--AV--Q--V-FRQ-QE--	484
TAN.US.-.TAN1	.....	0
VER.DB.-.AGM3	--LWVG-QEDETY-DRL-E--MK-SA--LE--D--V--K--E--K-W-H--ISS-E-BD.K-----R-----A-L-P-LR--N-K----KKN-L-T-T-----A-YA--KE--	481
VER.KE.-.1584	--LFVG---TAH-SQ-IKR-EH-L---E-D---DK--FE--V-H-D-TV--K-L-KEE.-----S-----E-K----VKA-D-K-VF-R-----Y--KI--	0
VER.KE.-.AGM155	--LWVG-QEENGR-DOL-T-NR-OE--V-RE-FE--K-W-H-K-S-E-EK-K-Q-----L-----A-L-P-LR--P-----A-Y--KE--	484
VER.KE.-.AGM.VER-9063	--LWVG-QEDETY-DKL-E--VK-K--LE--D-V-K--LE--NS-N-E--K-Q-----A-L-P-LR--Q-----A-YA--KE--	481
VER.KE.-.KENYA	--LWVG-QENETT-DKL-E--TK-QA--LE--M-E--E--K-W-H-E-SR-Q-E--KD-----A-L-P-L-R-I-K--TG-KKN-L-L-A--P-----A-YA--AE--	0
VER.KE.-.TYO1	.....	484

### Other SIV protein alignment: POL

591

SAB_SNV_SAB1C	RQKQGQQYDPAVLRAKVLKLGQWGYQIYOPENKILKVGKVAKIKTAHTNELLRLAGLVQIGKESIVIWGQ1P_IMELPVERELWEQWWSDYWQVWTIPPEMVSTPQLIRLWYKLVKDPPIPGEAV	625		
COL_CM_00_COL243	.	0		
COL_CM_01_COL247	.	0		
COL_CM_99_COL11	.	0		
DEB_CM_01_DEB1083	.	0		
DEB_CM_01_DEB1161	.	0		
DEB_CM_01_DEB1014	.	0		
DEB_CM_99_DEBN40	.	0		
DEB_CM_99_DEBN41	.	0		
DEB_CM_99_DEBN45	.	0		
DRL_CM_-SIVDRLL006	.	0		
DRL_CM_-SIVDRLL007	.	0		
DRL_CM_-SIVDRLL207	.	0		
DRL_CM_-SIVDRUGAG	.	0		
GRV_ET_-GRI-677	.	0		
GSN_CM_99_CM7166	KEQMH-V-Q-NK-K-Q--N-S-E-DD-P-T--V-NS--DM--A-AL--EL-TFY--V--QE--D-PI--P-K--N-LNB--E-	609		
GSN_CM_99_GSNCN166	QET-E-T---LIKE-I-T-Q-E---T-PT-E-GAV--R--QRET--D-T-H-C-ALT--RL-RVQ--DKKT-DM-Q-S-F--L-VK--S--E--K--D-	615		
GSN_CM_99_GSNCN71	K-SSE-G-AEK-VWEITS-EQ--MSS--G-M-SA-F-TRN-I-SYQOF DALT-V-R-Q-T-KV-DKFRI--VK-Q-DA--MN-A--TI-AH-H-L-O-T-SE-LDAVT	604		
GSN_CM_99_GSNCN77	K-SSE-S-AEK-VWEITS-EQ--MSS--DS-M-RS-F-TR-I-SYQ--DAMT-V-R-Q-T-KV-DKFRI--VK-Q-DT--MN-A--TI-A-H-H-L-Q-T-SE-LENAVT	597		
LST_CD_88_SIVlhoest447	.	0		
LST_CD_88_SIVlhoest485	KE-L-A---TKE-VVR-QQSKK-ILTF WR-G-S-PA-R-ORQ-S--P-QK--EA--HV-KIQV-T-V-D--H--L-FI--EQ--S-EAB--E-VDT	610		
LST_CD_88_SIVlhoest524	KE-L-A---TKE-VVR-QQSKK-VITF WR-G-S-PA-R-ORQ-A--P-QK--EA--HV-KIQV-T-V-D--H--L-FI--EQ--S-EAE--E-VDT	610		
LST_CD_88_SIVlhoest525	KE-V-A---SKE-VVR-QQSKK-VITF WR-G-S-PA-R-ORQ-S--M-QQ--EA--FV-KIQV-T-T-N--HF-DL-FI--EQ--S-EAE--E-TDT	610		
LST_CD_88_SIVlhoest526	KE-M-A---EKE-IVR-QQSKK-ILTF WR-G-N-PA-R-ORQ-A--P-QK-VEAI--FV-KIQV-T-V-H--H--DL-FI--EQ--IWEAE--I-VDT	607		
MND_1_GA_-SIVMND17B	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17D1	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17D2	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17D	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17G	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17H	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17J	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17K	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17L	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17O	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17P	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17Q	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17R	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17S	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17T	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17U	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17V	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17W	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17X	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17Y	.	0		
MND_1_GA_-SIVMND17Z	.	0		
MND_2_CM_00_SIVMND7	AEE-E-S---NKE-YVRFQ-TTG-DISF-WR-G-V-RA--G-Q--S-D-MK--AT-V-R--FV-K-QI-TT-I-D-HE-C--V-FI--M-E-E--S-SPE-LE-VET	602		
MND_2_CM_01_SIVMND9	.	0		
MND_2_CM_02_SIVMND02	.	0		
MND_2_CM_03_MND2S46	.	0		
MND_2_CM_04_MND2S6	.	0		
MND_2_CM_05_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_06_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_07_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_08_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_09_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_10_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_11_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_12_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_13_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_14_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_15_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_16_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_17_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_18_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_19_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_20_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_21_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_22_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_23_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_24_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_25_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_26_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_27_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_28_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_29_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_30_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_31_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_32_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_33_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_34_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_35_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_36_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_37_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_38_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_39_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_40_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_41_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_42_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_43_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_44_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_45_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_46_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_47_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_48_MND2S109	.	0		
MND_2_CM_49_MND2S109	.	0		
MUS_CM_01_MUSS1085	.	0		
MUS_CM_01_MUSS1239	.	0		
RCM_NG_-RCMNG409	KE-TH-V--EK-I-IQ-EG-S-E-GDS-P-T-Q--I-C-A--KL-KF-I-V-A-S-F-F--P-P--N-R--E-	611		
RCM_NG_-RCMNG411	KE-TH-V-N-EK-I-Q-BG-S-E-GDS-P-T-Q--I-C-A--KL-KF-I-V-S-F-F--P-P--N-E--E-	611		
SUN_GA_98_SIVSUN	QESYS-S-E-DKE-ICB-Q-VKQ-ILTF-WL-GKQV-R-R-Q-RGA-E-PCQQ-AAL--R--FV-KIQV-IQ-I-S-A-C-L-F--K-EQE-T-ATE-V-.DT	607		
TAL_CM_00_TAL266	.	0		
TAL_CM_01_TAL271	.	0		
TAN_UG_-TAN1	KEE-A-SKS-TIT-D-FK--G-V-T-T-S-NT--F-V--M-RVC-A-TF-KL-V--V--L-I-FI--P-K--N--KAK-	612		
TAN_US_-TAN1	.	0		
VER_DE_-AGM3	KTE-B-T-K-GR-I-A-Q-EG--S-FK--GQV--T-Q-NT--F-V--LC--L--EL-VL-I-V--A-S-D-F--P-VK--T-T-E--K-D-	609		
VER_KE_-1584	VER_KE_-1584	KTE-B-T-A-EK-A-Q-S-FK--G--F-Q-AT-V-V--DF-V-P-VT-A-S--DF-V-P-VK--T-T-E--D-	612	
VER_KE_-AGM115	KTE-E-T-A-GK-A-Q-E-S-FK--G--F-V--C-AL-T--F-V-A-S-F-F--P-V--V-A-S-F-F--P-VK--T-T-E--D-	609		
VER_KE_-AGM_VER-9063	KTE-E-T-KENYA	VER_KE_-TYO1	KTE-E-T-K-GI-I-A-Q-S-FK--GQV--T-Q-NT--T-C-AL--IL-VL-I-V--A-S--DF--P-LK--T-T-E--K-D-	612

## Other SIV protein alignment: POL

## Other SIV protein alignment: POL

593

SAB_SN.-.SAB1C	-E-D-Q-F-S-VQYIKEO-	-TV	-WEE-D-NR-QA-	-L-Y-V-L-L-	-E-V-L-	CTL-CW-PFLK-	-EE-GRA-I-	-Q-EVK-V	-P-U-HFK-AV-	-LG-A-	137
COL_CM_00.COL243	-E-D-Q-F-S-VQYIKEO-	-TV	-WER-E-NR-QP-	-L-Y-Y-L-	-E-V-L-	CTL-CW-TILRK-	-EE-GRA-I-	-Q-EVK-V	-P-I-HFK-AV-	-LG-	137
COL_CM_01.COL247	-E-D-Q-F-S-VQYIKEO-	-TV	-WER-E-NR-QP-	-L-Y-Y-I-L-	-E-V-L-	CTL-CW-TILRK-	-EE-GRA-I-	-Q-EVK-V	-P-I-HFK-AV-	-LG-	137
COL_CM_99.COL11	-E-D-Q-F-S-VQYIKEO-	-TV	-WER-E-NR-QP-	-L-Y-Y-I-L-	-E-V-L-	Y-TKLL-A-E-L-Q-	GA-	-VK-I	-P-I-P-K-A-	-LGV-	137
DEB_CM_01.DEB1083	-D-E-G-KOLRD-Q-TLQ-	-T	-PM	-M-I-I-M-N-	-M-N-	Y-TKLL-A-E-L-Q-	GA-	-VK-I	-P-I-P-K-A-	-LGV-	137
DEB_CM_01.DEB1161	-D-E-G-KOLRD-Q-TLQ-	-T	-PT	-M-I-M-N-	-M-N-	Y-TKLL-A-E-L-Q-	GA-	-VK-I	-P-I-P-K-A-	-LGV-	137
DEB_CM_01.DEB1014	-D-E-G-KOLRD-Q-TLQ-	-T	-PT	-M-I-M-N-	-M-N-	Y-TKLL-A-E-L-Q-	GA-	-VK-I	-P-I-P-K-A-	-LG-	137
DEB_CM_99.DEBON40	-D-E-G-KOLRD-YQ-TLQ-	-TR	-PT	-M-I-M-N-	-M-N-	Y-TKLL-A-E-L-Q-	GA-	-VK-I	-P-I-P-K-A-	-LG-	137
DEB_CM_99.DEBONE1	-D-E-G-KOLRD-YQ-TLQ-	-R	-PT	-M-I-M-N-V-	-M-N-V-	Y-TKLL-A-E-L-Q-	GA-	-VK-I	-P-I-P-K-A-	-LG-D-	137
DEB_CM_99.DEBONE5	-D-E-G-KOLRD-Q-TLQ-	-Q	-PM	-M-I-M-N-	-M-N-	Y-TKLL-A-E-L-Q-	GA-	-VK-I	-P-I-P-K-A-	-LG-D-	137
DRL_CM_.SIVDR006	-L-N-LA-Q-G-Q-	-Q-PM-	-T	-Y	-A-EK-Y	-G-V-H-	-P-V-H-	-P-V-EK-TV-	-A-	139	
DRL_CM_.SIVDR007	-L-N-LS-G-Q-	-Q-PM-	-T	-Y	-A-EK-Y	-G-V-H-	-P-V-H-	-P-BK-TV-	-A-	138	
DRL_CM_.SIVDR007	-L-N-YALS-D-A-Q-	-Q-PM-	-T	-X	-A-EK-Y	-G-V-H-	-P-EK-TV-	-A-	138		
DRL_CM_.SIVDR007	-L-N-LA-Q-G-Q-V-	-PMR-	-T	-Y	-A-EK-Y	-G-V-H-	-P-EK-TV-	-A-	867		
GRV_ET_.GRI-677	-DD-A-N-V-	-R-PK-	-IET-V	-R-E-	-LA-YTKH-	-P-N-V-	-P-N-	-P-N-	-N-	873	
GSN_CM_99.CM166	-V-D-E-S-KYLRLDKYI-LL-	-NK-S-VH-PK-	-N-EL-M-	-V-L-	-YWR-RI-	-P-V-H-	-P-V-KE-A-	-AD-Q-	862		
GSN_CM_99.CM719	-V-D-E-S-KYLRLDKYI-LL-	-NK-S-VH-PK-	-N-EL-M-	-V-L-	-YWR-RI-	-P-V-H-	-P-I-KELE-A-	-AD-Q-	855		
GSN_CM_99.GSN01166	-V-D-E-S-KYLRLDKYI-LL-	-NK-S-VH-PK-	-N-EL-M-	-V-L-	-YWR-RI-	-P-V-H-	-P-V-KE-A-	-AD-Q-	137		
GSN_CM_99.GSN071	-V-D-E-S-KYLRLDKYI-LL-	-NK-S-VH-PK-	-N-EL-M-	-V-L-	-YWR-RI-	-P-V-H-	-P-I-KELE-A-	-ANQ-	137		
GSN_CM_99.GSN077	-I-D-E-S-KYLRLDKYI-LL-	-NK-H-TH-PK-	-N-EL-L-	-V-L-	-YWR-RI-	-P-Q-V-	-P-V-KB-Q-VI-	-LG-	870		
LST_CD_88.SIVlhoest447	-YS-F-N-AKDLEEK-HI-PM-	-Q-NS-N-T-AIT-	-T-I-I-M-QV-N-MV-	-D-T-	-C-VQ-V-	-P-V-KB-Q-VI-	-LG-	-LG-	-LG-	870	
LST_CD_88.SIVlhoest485	-S-F-N-AKDLEEK-HI-PM-	-Q-NS-N-T-AIT-	-T-I-I-M-QV-N-MV-	-D-T-	-C-YQ-V-	-P-V-KB-Q-VT-	-LG-	-LG-	-LG-	870	
LST_CD_88.SIVlhoest524	-V-G-F-N-AKDLEEK-YI-PM-	-Q-NS-N-T-AIT-	-T-I-I-M-QV-N-MV-	-D-T-	-C-YQ-V-	-P-V-KB-Q-VT-	-LG-	-LG-	-LG-	871	
LST_KE_.SIVlhoest	V-S-F-N-AKDLEEK-N-PM-	-Q-ND-AN-K-	-V-V-V-	-C-YQ-V-	-P-V-KB-Q-VT-	-LG-	-LG-	-LG-	-LG-	867	
MND_1.GA_.SIVMND17B	-E-S-EAQLERK-H-L-O-	-ON-S-CHH-PIK-T-L-I-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	138	
MND_1.GA_.SIVMND17D1	-E-S-EAQLERK-H-L-O-	-ON-S-CHH-PIK-T-L-I-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	127	
MND_1.GA_.SIVMND17D2	.#-E-S-EAQLERK-H-L-O-	-ON-S-CHH-PIK-T-L-I-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	138	
MND_1.GA_.SIVMND17D	-E-S-EAQLERK-H-L-O-	-ON-S-CHH-PIK-T-L-I-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	138	
MND_1.GA_.SIVMND17G	-E-S-EAQLERK-H-L-O-	-ON-S-CHH-PIK-T-L-I-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	148	
MND_1.GA_.SIVMND17J	-E-S-EAQLERK-H-LX-Q-	-OS-S-CHH-PIK-T-L-I-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	138	
MND_1.GA_.SIVMND17P4	-E-S-EAQLERK-H-L-Q-	-OS-N-CHH-PIK-HT-L-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	152	
MND_1.GA_.SIVMND17Q6	-E-S-EAQLERK-H-L-Q-	-OS-S-CHH-PIK-HT-L-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	152	
MND_1.GA_.MNNDGB1	-E-S-EAQLERK-H-L-Q-	-OS-S-CHH-PIK-T-L-I-	-NOV-MK-	-TA-K-E-	-AO-SK-	-P-E-ETM-	-LG-	-LG-	-LG-	800	
MND_2.GA_.SIVMND7	-N-LS-SI-P-O-	-V-P-I-A-T-	-X-V-	-YI-	-X-E-	-G-YTKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	138	
MND_2.GA_.SIVMND9	-N-LS-SI-P-O-	-V-P-I-A-T-	-X-V-	-YI-	-S-E-	-G-YTKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	138	
MND_2.CM_.SIVMND02	-N-N-LA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-G-YTKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	138	
MND_2.CM_.MND2S46	-N-S-ALA-D-CI-N-P-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-G-YTKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	137	
MND_2.CM_.MND2S6	-N-N-ALS-D-NI-P-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-G-V-H-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	137	
MND_2.CM_.MND2S109	-N-N-LA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-SG-YTKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	137	
MND_2.CM_.MND2S116	-N-N-ALA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-G-VKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.98CM16	-N-N-ALA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-G-VKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.98CM16	-N-N-ALA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-G-VKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.98CM31	-N-N-ALA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-V-P-	-V-A-	-E-	-G-VKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.98CM32	-N-L-W-LS-G-Q-	-P-V-	-P-T-	-Y-	-S-E-	-G-V-H-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.98CM32	-N-N-ALA-D-SI-N-Q-	-T-P-	-V-T-	-Y-	-S-E-	-SG-YTKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.98CM33	-N-N-KALI-D-SI-N-Q-	-T-P-	-V-T-	-Y-	-S-E-	-SG-YTKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.98CM35	-N-N-ALA-D-SI-N-Q-	-T-P-	-V-T-	-Y-	-S-E-	-SG-YTKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.MND254	-N-N-ALA-D-SI-N-Q-	-T-P-	-V-T-	-Y-	-S-E-	-G-VKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	152	
MND_2.CM_.99.MND14CG	-N-N-ALA-D-SI-N-Q-	-T-P-	-V-T-	-Y-	-S-E-	-G-VKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	164	
MND_2.CM_.SIVMND13	-N-N-LS-SI-P-Q-	-V-P-I-A-T-	-V-	-YI-	-S-E-X-	-G-YTKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	138	
MND_2.CM_.SIVMND15	-N-N-LS-SI-P-Q-	-V-P-I-A-T-	-V-	-YI-	-S-E-	-G-YTKH-	-P-V-EK-TV-	-AO-	-AO-	138	
MND_2.US_.SIVMNDP13	-N-N-ALA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-M-V-	-YI-	-A-RE-	-G-VKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	138	
MND_2.US_.SIVMNDBK	-N-N-ALA-D-CI-N-Q-	-T-P-	-T-M-V-	-YI-	-S-RE-	-G-VKH-	-P-EK-TV-	-AO-	-AO-	136	
MON_CM_99.MONGML1	-R-D-E-S-KYLRLTYHI-TLL-	-NH-H-NH-PKS	-N-EV-	-S-L-	-VW-WKLR-R-	-C-GIA-E-AM-V-I-	-P-E-EFE-AA-AN-H-	-LG-	-LG-	137	
MUS_CM_01.MUSS1085	-K-D-E-S-KYLRLTYQI-LL-	-NH-TH-PKT-N-EL-	-L-	-YMW-KIL-R-RQ-LG-E-L-A-I-	-A-I-AEEF-S-AS-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-LG-	-LG-	-LG-	137	
MUS_CM_01.MUSS1239	-K-D-E-S-KYLRLTYQI-LL-	-NH-TH-PKT-N-EL-	-L-	-YMW-KIL-R-RQ-LG-E-L-A-I-	-A-I-AEEF-S-AS-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-LG-	-LG-	-LG-	137	
RCM_NG_.RCMNG409	E-H-S-A-AE-KI-Q-Q-	V-A-T	T	Y-A-E-Y-A-VKH-	A-VKH-	A-AA-Q-V-	-AO-	-AO-	-AO-	869	
RCM_NG_.RCMNG411	E-H-S-A-AE-QI-Q-Q-	V-A-T	T	Y-A-E-Y-A-VKH-	A-VKH-	A-AA-Q-D-Q-	-AO-	-AO-	-AO-	869	
SUN_GA_98.SIVSUN	-V-G-F-N-AA-L-EM-DI-LV-Q-NE-AQ-Q-AIT	-V-I-I-M-E-V-	-YMV--LN-N-Q-T-TW-	-C4M-VK-I-	-P-I-KD-E-V-	-LG-Q-	-LG-	-LG-	-LG-	867	
TAL_CM_00.TAL266	-ER-N-DLKAR-K-T-A-IE-VQ-PKT-NN-AV-T-Q-C-	-Y-TKLL-R-RE-L-QV-C-	-SH-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-LG-	-LG-	-LG-	137	
TAL_CM_00.TAL271	-ER-N-DLKAR-K-T-A-IE-VQ-PKT-NN-AV-T-Q-C-	-Y-TKLL-R-RE-L-QV-C-	-SH-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-P-V-AEMQ-MV-J-	-LG-	-LG-	-LG-	137	
TAN_UG_.TAN1	-S-T-QFIRDA-I-L-Q-AI-V	#-Q-AI-V	-L-AR-E-K-II-K-	-P-V-E-QT-QV-	-P-V-E-QT-QV-	-P-V-E-QT-QV-	-LG-	-LG-	-LG-	870	
TAN_US_.TAN1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	-LG-	-LG-	-LG-	95	
VER_DE_.AGM3	-ER-N-NLADTY-Q-M-P-V	.....	.....	.....	.....	.....	-LG-	-LG-	-LG-	867	
VER_KB_.1584	.....	.....	.....	.....	.....	.....	-LG-	-LG-	-LG-	95	
VER_KB_.AGM15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	-LG-	-LG-	-LG-	870	
VER_KB_.AGM_VER-9063	.....	.....	.....	.....	.....	.....	-LG-	-LG-	-LG-	867	
VER_KB_.KENYA	.....	.....	.....	.....	.....	.....	-LG-	-LG-	-LG-	94	
VER_KB_.TYO1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	-LG-	-LG-	-LG-	869	

## Other SIV protein alignment: POL

## Other SIV protein alignment: POL

595

SAB	SN	-	SABIC	IIRDYG..K..A..LDSQAPLEGNGRTAGEVID.....	1038
COL	CM	.00	COL243	172	
COL	CM	.01	COL247	173	
COL	CM	.99	COL11	173	
DEB	CM	.01	DEB1083	173	
DEB	CM	.01	DEB1161	173	
DEB	CM	.01	DEB1014	173	
DEB	CM	.99	DEBN40	173	
DEB	CM	.99	DEBN1	173	
DEB	CM	.99	DEBNES5	173	
DRL	CM	-	SIVDRL006	139	
DRL	CM	-	SIVDRL007	138	
DRL	CM	-	SIVDRL207	138	
DRL	CM	-	SIVDRGAG	966	
GRV	ET	-	GRI-677	1034	
GSN	CM	.99	CML66	1014	
GSN	CM	.99	GSNCN166	1015	
GSN	CM	.99	GSNCN71	173	
GSN	CM	.99	GSNCN7	173	
LST	CD	.88	SIVlhoest447	1018	
LST	CD	.88	SIVlhoest485	1018	
LST	CD	.88	SIVlhoest524	1019	
LST	KE	-	SIVlhoest	1015	
MND	-1	GA	-	SIVMND17B	138
MND	-1	GA	-	SIVMND17D1	138
MND	-1	GA	-	SIVMND17D2	210
MND	-1	GA	-	SIVMND17D	138
MND	-1	GA	-	SIVMND17G	243
MND	-1	GA	-	SIVMND17I	138
MND	-1	GA	-	SIVMND17P4	137
MND	-1	GA	-	SIVMND17OP6	138
MND	-1	GA	-	MNDGB1	196
MND	-2	GA	-	SIVMND7	1008
MND	-2	GA	-	SIVMND9	138
MND	-2	CM	-	SIVMND9	279
MND	-2	CM	-	SIVMND02	138
MND	-2	CM	.00	MND2S46	173
MND	-2	CM	.00	MND2S6	173
MND	-2	CM	.01	MND2S109	173
MND	-2	CM	.98	98CM16	238
MND	-2	CM	.99	98CM16	960
MND	-2	CM	.99	98CM31	238
MND	-2	CM	.99	98CM32	238
MND	-2	CM	.99	98CM33	238
MND	-2	CM	.99	98CM35	238
MND	-2	CM	.99	MND254	173
MND	-2	GA	-	MND14CG	1015
MND	-2	GA	-	SIVMND13	138
MND	-2	GA	-	SIVMND15	138
MND	-2	GA	-	SIVMNDPG13	138
MND	-2	US	-	SIVMNDBK	136
MON	CM	.99	MONGML1	173	
MUS	CM	.01	MUSS1085	173	
MUS	CM	.01	MUSS1239	173	
RCM	NG	-	RCMN1409	1018	
RCM	NG	-	RCMN1411	1021	
SUN	GA	.98	SIVSUN	1021	
TAL	CM	.00	TAL266	149	
TAL	CM	.00	TAL271	148	
TAN	UG	-	TAN1	1030	
TAN	US	-	TAN1	1028	
VER	DE	-	AGM3	147	
VER	KE	-	1584	1023	
VER	KE	-	AGM15	147	
VER	KE	-	AGM VER -9063	147	
VER	KE	-	KENYA	147	
VER	KE	-	TYO1	147	
			-EPKQ..R..VGNEGDV..-TRGSDN.....		

## Other SIV proteins

		Other SIV proteins		Other SIV protein alignment: VIF		
SAB	SN. - .SAB1C	M. . . EKHWTIVPLWVKTGQQEBWTS . . . . .	LKVYHMHVSKQCVHWRVYTPHTKIRMNWWSYQEWIVPLK. DGA1. IKVNYWEL. TPEKGWLETYAT. . . . .	GIGYSK	92	
COL	CM. - .COLCG1	- - - - - M - A - - I CYPMGKRKPRLREWIK. . . . .	. KQPECQY - YLGKTESPE - WTEGKLEFY - . GS - IKLSTIYLGT - . - DRYHRRPPV. . . . .	SYELQI	86	
DRL	- . FAO	- - - - - I - T - R - ERYMV - . . . . .	RWNSSLCKYKHKGKE - YLER. H - A - - FQCS. G - WTHSO - T - - F - . KSK. - V - VL - N - . - D - - - SK - I . . . . .	T - EHIQ	92	
GRV	ET. - . GRI-677	- . ER - O - - - VV - R - SFR - IS - - RGIVTYKRN . . . . .	KOLP - E - RH - WOVO - QFWT - SQFL - - S. KDDY - E - NI - HI - . . . . .	SYTHQKG	95	
GSN	CM. 99. CM166	- - - - - RQRKMWVQPIQMT - KVDWILLRATKHHHTWSGKTPFVYHYQLOQRFONTKIRALMDT - QVGBEVEATYIETIL - DTTS . . . . .	RWNSSLRSRST - TQO. AVTIE - YNNRSKLGA. . . . .	- DRYHRRPPV. . . . .	86	
LST	CD. 88. SIVlhoest447	- - - - - RDQIVRYAVI - TR . . . . .	H - PASLSRSRST - TQO. AVTIE - YNNRSKLGA. . . . .	- DRYHRRPPV. . . . .	120	
LST	CD. 88. SIVlhoest485	- - - - - RDOIVRYAVI - TR . . . . .	E - T - T . . . . .	GS - IKLSTIYLGT - . - DRYHRRPPV. . . . .	92	
LST	CD. 88. SIVlhoest524	- - - - - RDQIVRYAVI - TR . . . . .	VVR. C - A - . . . . .	GS - IKLSTIYLGT - . - DRYHRRPPV. . . . .	120	
LST	KB. - .SIVlhoest	- - - - - RDQIVRYAVI - TR . . . . .	AAGR - ISQW. V - . . . . .	GS - IKLSTIYLGT - . - DRYHRRPPV. . . . .	120	
MND	-1. GA. - .MNDGB1	- - - - - RVERIVR - TWKVSS - REKW . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89	
MND	-2. - . 5440	- - - - - Q - - AI - T - EDRODVKL . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89	
MND	-2. GA. - .MND14CG	- - - - - Q - - I - T - RIDBR - L - . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89	
RCM	NG. - .RCMNG411	- A . - - R - E - I - DDKRKV - . . . . .	HW . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
SUN	GA. 98. SIVSUN	- - - - - E - NP - Q - RWDR . . . . .	RDW . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
SYK	KB. - .SYK173	- - - - - E - I - IVV . . . . .	NSIVXHKYKGE - TLEN - OLY - - FQCS. G - WTHSKQK - - F - . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
TAN	UG. - .TAN1	- - - - - ER - L - VT - LT - R - S - E . . . . .	NSIVXHKYKGE - TLEN - OLY - - FQCS. G - WTHSKQK - - F - . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
VER	DE. - .AGM3	- - - - - NO - E - VM - VT - - DEELITY - OG . . . . .	NSIVXHKYKGE - TLEN - OLY - - FQCS. G - WTHSKQK - - F - . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
VER	KB. - .AGM15	- - - - - NO - E - VM - VT - - DEELITY - OG . . . . .	NSIVXHKYKGE - TLEN - OLY - - FQCS. G - WTHSKQK - - F - . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
VER	KB. - .AGM VER-9063	- - - - - NO - E - VM - VT - - DEELITY - OG . . . . .	NSIVXHKYKGE - TLEN - OLY - - FQCS. G - WTHSKQK - - F - . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
VER	KB. - .TYO1	- - - - - NO - E - VM - VT - - DEELITY - OG . . . . .	NSIVXHKYKGE - TLEN - OLY - - FQCS. G - WTHSKQK - - F - . . . . .	SLIVEKFLDIREAHAKETO - D - VSLHIG - GVG - EF - T - NNI - - E - T - T . . . . .	S - BWIY	89
SAB	SN. - .SAB1C	GEWFTELDWTADHIHMSYFPQFTDBA. VQOAIRGEKYLM. CRHQVGHOPT . . . . .	GQVPSLQLYLAR. . . . .	VYTINGLRLRVAPTSRRGSSQGSPESQRDRDTMARMNGFAQBVRMAPRHVTGQFQRG	212	
COL	CM. - .COLCG1	- - - - - K - E - D - SWQ - VGYM - IIRGK - VRIEEAKR - - LPWNP. - DF - - - L . . . . .	- - - - - G - LK - - E - C - L - ALREKER . . . . .	- - - - - G - LK - - E - C - L - ALREKER . . . . .	153	
DRL	- . FAO	EKFCLII - T - - R - LE - - - Q - . TRGVLL - YRQA. - YPRP - - KG . . . . .	- - - - - Q - AHIKYLK . . . . .	- - - - - Q - AHIKYLK . . . . .	196	
GRV	ET. - . GRI-677	- - - - - YK - V - G - RM - LY - N - . . . . .	- - - - - Q - L - - V . . . . .	- - - - - Q - L - - V . . . . .	196	
GSN	CM. 99. CM166	IWYS - N - GV - MO - - GK - - - - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - L - . . . . .	GTP - T - EOLAFFAY - KH . . . . .	N - IERK - K - TF - - - G - L - SR - - G - MG - - T - - AQ - SKR - S	196	
LST	CD. 88. SIVlhoest447	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
LST	CD. 88. SIVlhoest485	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
LST	CD. 88. SIVlhoest524	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
LST	KB. - .SIVlhoest	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
MND	-1. GA. - .MNDGB1	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
MND	-2. - . 5440	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
MND	-2. GA. - .MND14CG	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
RCM	NG. - .RCMNG411	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
SUN	GA. 98. SIVSUN	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
SYK	KB. - .SYK173	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
TAN	UG. - .TAN1	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
VER	DE. - .AGM3	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
VER	KB. - .AGM15	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
VER	KB. - .AGM VER-9063	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	
VER	KB. - .TYO1	IWYS - N - T - DV - MO - - QNED . ITR - - - - - QI - GN - E - PEA - P - . . . . .	GTPHT - ERLAFFAY - KH . . . . .	YKNPTTOSPSYSSAQPQGAHNGHSGCSKRYGNKR	221	

## Other SIV protein alignment: VIF

SAB . SN. - .SAB1C  
 COL . CM. - .COLCGU1  
 DRL . - . FAO  
 GRV . ET . - .GRI-677  
 GSN . CM . 99 . CM166  
 LST . CD . 88 . SIVlhoest447  
 LST . CD . 88 . SIVlhoest485  
 LST . CD . 88 . SIVlhoest524  
 LST . KE . - .SIVlhoest  
 MND-1 . GA . - .MNDGB1  
 MND-2 . - . 5440  
 MND-2 . GA . - .MND14CG  
 RCM . NG . - .RCMNG411  
 SUN . GA . 98 . SIVSUN  
 SYK . KE . - .SYK173  
 TAN . UG . - .TAN1  
 VER . DE . - .AGM3  
 VER . KB . - .AGM155  
 VER . KB . - .AGM VER-9063  
 VER . KE . - .TYO1

PVPL .PKESPPFPLSVLEY .. CGRTSH\$ ..  
 ... THQ-MRVLKGTSHG C.RT \$ ..  
 SIT . - .PRV-L--EHL H.-ALP\$ ..  
 QKA - .WN-HAN--MELL .-ROCKET\$ ..  
 GRETTLLKGRA-WNLAS\$ ..  
 GRETTLLKGRA-WNLAS\$ ..  
 QT -F .-RNFQG--RIL .COQYVRVGRBLSLHEHYHESK\$ ..  
 KT -F .-RSNFG--GIL .COQYVRVGRGSLHEHYHESK\$ ..  
 KT -F .-RSNFG--GIL .COQYVRVGRGSLHEHYHESK\$ ..  
 CRQRVRQRGGLHEIHPSQ\$ ..  
 KKA . SHY-KC-IRIL .CAKRES\$ ..  
 -T- .-PRV--EHM .C.RTLAS\$ ..  
 SIT .-PRV--EHL .C.RTLAS\$ ..  
 Q-A . SSRVH-TLA\$ ..  
 GKAF -SSNSC--AIL .CGlyRVRKGRVYEEHNHFQ\$ ..  
 IQAYYSSRNITWISLTKRR-D\$ ..  
 TT-F WERT-L--MELL .S-PGKENGTNDEKGL\$ ..  
 ODAF .WARA-V--MELL .S-CGRKESHSHARKGL\$ ..  
 QTAF .WPRI-I--MELL .S-GRGETGKTHSGIGI\$ ..  
 QITF .WORA-L--ELL .S-SRRETCSPNDGGL\$ ..  
 EAAF .WERT-V--MELL .S-GRRKTWYSHDGKGQLIL\$ ..

234  
 171  
 217  
 219  
 237  
 237  
 227  
 226  
 226  
 222  
 213  
 212  
 222  
 241  
 221  
 238  
 232  
 232  
 231  
 235



SAB.SN.-.SAB1C	MASGGWLPVGGDPKPKNPREEIPGW..LETWDLPREPDEWLRLDMLQDDLNSEAQCHF.
COL.CM.-.COLCCU1	-R.....VLIKGT#.....P-ED-G.....P-ED-A.....P-ED-A.....P-ED-A.....
DRL.-.FAO	-ER.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....
GRV.ET.-.GRI-677	-ER.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....
GSN.CM.99.CM166	-ER.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....
GSN.CM.99.CM71	-ER.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....R.....D-PL.....
LST.CD.88.SIVIhoest447	-SRTR.....QQ-SPEKRP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....
LST.CD.88.SIVIhoest485	-SRAR.....QQ-SPERPP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....
LST.CD.88.SIVIhoest524	-SROR.....QQ-SPERPP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....
LST.KE.-.SIVIhoest	-SRQR.....QQ-SPERPP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....DFGP.....
MND-1.GA.-.MNIDGB1	-EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....
MND-2.GA.-.MNID14CG	-EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....EQ.....
RCM.NG.-.RCMNG411	-EM.....EM.....EM.....EM.....EM.....EM.....EM.....EM.....EM.....EM.....
SUN.GA.98.SIVISUN	-AQ.....AQ.....AQ.....AQ.....AQ.....AQ.....AQ.....AQ.....AQ.....AQ.....
SYK.KE.-.SYK173	-EAFAF.....FNPSPQHVGQTPWFFIP.....RNVELT-NVINVTVKAELVVT-SK-T-QEIQY.GV-NQSLN-E-GTDSPIMAWERTMLDMV-A-NLM-...E-FAAG-PQRT.RYA.....RH..
TAN.UG.-.TAN1	-E.R.....DS-RR--LEWDLS...W-\$-VAE-Q-R-G-E--QV-FCQ-EGER..N.APMI.RA-R-Y-LV-...-.
VER.DE.-.AGM3	----R.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-G.....D-AR-G.....D-AR-G.....D-AR-G.....
VER.KE.-.AGM155	----R.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....
VER.KB.-.AGM_VER-9063	----R.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....
VER.KB.-.TYO1	----R.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....D-AR-E.....
SAB.SN.-.SAB1C	PAGGGPPPGIGGAGSGGAASAAPGL.\$.....
COL.CM.-.COLCCU1	.....FPSTONPS.....
DRL.-.FAO	.....RTFPR-NQQ.....
GRV.ET.-.GRI-677	.....EEREN-QGG-APPD.P-A-.....
GSN.CM.99.CM166	R-TAP-DNSVSHADPEOPRR-SRYNMD\$
GSN.CM.99.CM71	R-TAP-DNSVSHADPEOPRR-SRYNMD\$
LST.CD.88.SIVIhoest447	.....TAHPTEAAPRPTKTRIQRGY\$.
LST.CD.88.SIVIhoest485	.....TAHPTEAAPRPTKTRIQRGY\$.
LST.CD.88.SIVIhoest524	.....TAHPTEAAPRPTGRD1QRGY\$.
LST.KE.-.SIVIhoest	.....TAHPTEAAPRNEGDIQRGD\$.
MND-1.GA.-.MNIDGB1	.....QLPP--FRPR.GR-.....
MND-2.GA.-.MNID14CG	.....RSFP-PNP-.....
RCM.NG.-.RCMNG411	.....RSFPRPNP-.....
SUN.GA.98.SIVISUN	.....PPTPRPRPGQD1RRLQD\$
SYK.KE.-.SYK173	.....RGYPH\$.....
TAN.UG.-.TAN1	.....EEREN-VGG-RDG.....
VER.DE.-.AGM3	.....EERED-QGG-R-GRVP--D-.....
VER.KE.-.AGM155	.....EEREN-QGG-R-GRVP--D-.....
VER.KB.-.AGM_VER-9063	.....EERED-QGG-R-NP--D-.....
VER.KB.-.TYO1	.....EERED-QGG-R-NRVP--E-.....

H1B.FR.83.HX22 TQPPIPVAVIATVWVIIIAVWWSIVILE..Y.....RKILRQFKTDLRIDLIE...RAEDSGNESEGETSALYEM...GVEMGHHRAPWDVDDL\$ 82  
 H1A1.UG.85.U455 MT-LE-W-TG-I-L-L---T-G---\$#.....K-L-K-K---LN-IR-----D-DTEE-SL...L---NYDGVDDNN- 80  
 H1B.US.90.WEAU160 M-SLQ-L---G-----L-----TRD-----D-QEE-SA...L-----1---- 81  
 H1C.ET.86.ETH2220 AKVDRIV---FI-L---T-AY-----L---R---K-TR-----D-DTEE-ST...M-D-NIRLL-N---- 81  
 H1D.CD.84.84ZR085 M-SLQ-L---FI-L---T-F-----R-K-----W---IR-----E-----LVEVGH-A!PWDVDD---- 82  
 H1F1.BE.93.VTB50 MSYLAAIG-A-I-L---T-Y-----K-LV-----NK-YK-IR-----DDEE-AA...LG---PFI-G-INN-- 81  
 H1G.SE.93.SE6165 M-SLVL-L-G-I-F-A---T-F-----E-RK-KR-GK-L-IR-----D-DTEE-T...L---DFD-VG-N- 81  
 H1H.CF.90.90CF056 MYLIGNGIGALV-TP-A.VI-T-Y-----K-LV-K-----E-IG-----D-DTEE-SK...LM---LNIGY-A--- 80  
 H1J.SE.93.SE7887 MI-LO-A---FI---FL-GM-T-Y-----K-L-----K---IR-----D-DTEE-AD...L-R-P-DL-N-N---- 81  
 H1K.CM.96.MP535 MVSIA-SIVALV-AI-LA---I-T-Y-----LVK-KR-NW-----IR-----DAAE-AD...IG-L---L!LGNIT-N-- 80  
 H1O1.AE.TH.90.CM240 MT-LE-S---G-I-L-L---\$T-A---V.....K-----VK-IR-----DTDE-AK...L---DFD-VG-N-- 80  
 H1O2.AG.NG.-.IBNG M-LT-T-G-F-A---Y-----RK-K-----L-IR-----D-DTEE-ST...IM---YEYIL-N-N-- 81  
 H1O4.CPX.CY.94.CY032 MLFWME-W-G---L-V---TL-F-----K-LR---R-S-YN-IR-----D-DAEE-ST...L-G-NFD-VG-N-- 81  
 H1N.CM.95.YBZ30 MLSGFTI-LG-A-SIA...VI-ALLYR-----K-KL-E---KEIRO-TR-----E-----DAEW-OGDEENLVLISSKLDOIWNW- 83  
 H1O.HO.BE.87.ANT70 MHQRNL-LI-SACL-NVLI-GFLNRK...LYOR.KDPR-EOB-ELRLR-TK-IRDDSYES-E-QQVMPEI-----HS-GFPANPMPE- 85  
 CPZ.CD.-.CPZANT MTN-FRY-FI-FS...-L-T-C-PILKYLYKTYQQQ-DNK-NORTIEVLSR...-LSIDSATE-D-BADTYL...GCFANVYRIG-E- 83  
 CPZ.US.85.CPZUS MLNWFIGLII---GIEG-LVIIU-ANN-CT-GY-KW-BR-EET-----E-BEETUAK...LSSFLDNRNPV- 84  
 CPZ.GA...-CPZAB MLTWB1GLIGIGL-B-A-GAFK...W-RKGEEENDRA-KIRTELRIS...-Q-----N-BEER-Q-LIHNHYNN-PANPM- 84  
 CPZ.I.M...-CAM3 MLWIWEGIIGLII---GIEH-V-G-AYK...W.REIKEERIN-T-YNAEIRIN...-Q-----N-BE-QLDN...LHANGEDNPMPF-W- 85  
 GSN.CM.99.CML66 MH-AIWYWW-A-ITTF-YLC-ALLALYIA..W.....D-WIKGPK.PTQVAV...-LIEDDE-GIFBD-SS-L...TGENGF-NPGFE..V- 78  
 GSN.CM.99.CM71 MSAAIWNG-A-ITTF-YCLAFIALYIA..W.....D-WIKGPK.PTQVAV...-LIVEDDE-GIFBD-SS-P...NAYGF-NPGFE..V- 76

### **Other SIV protein alignment: TAT**

601

## Other SIV proteins

602

## Other SIV protein alignment: REV

SAB.SN.-.SAB1C	MS.LGQEELLIRRF.RIIKFL.....YTTNPYPG.....	QGTARQRARRQRWAQORQVYTHAERIL.....ETPVSQIDHIAQEFDQLVLDNLQQP.....PSLPPG	87
MND-1.GA.-.MNNGB1	-LYQEMLLS-YALISKEG-RNKVPCLO.....ETWLSTCLF-GI-AE-I.....	PQ-----RK-QLRTR-A-LRE-EG---RQI...LDRSPDQLQGVTNLAIAEKSESSNS\$	101
MND-2.GA.-.MND14CG	-LLOEMLLS-PVIIAEG-RDTLSCLQNQENSEETSGKNTTGLS-SSICLKGRISPTSQPO--R-K-R-AQLRRTHE--RE-Q--WOTL...EARANKELVEGVNNLHLAEASAGNS\$	117	
MND-2.-.5440	-TDRGLDDEGFWRKYQAIK.....OLWEIGIS-SSLCLQGGLSPAPQO-----R-A-LR-TEH--RE-QT-	\$	71
DRL.-.PAO	-AGPER-PPP_WFOEYL-R-V.....TRUWQGR1-PRDD.....QLPQ-----K-R-A-QRRVEH-TRT-QA--OSLERENRSRULVEG1-ERTHLAERERESSNS\$	92	
GSN.CM.99.CM166	-ADHARGNDQKLQLN-LACRLIKT_LHR.....SS#AGIL-SL-AD-Y.....PTS.S-RSA-NR-R-RARQG--REIHN--BSLVGSPPEPDLD-PDLGQLSLSPWREVPVGTAAESNP	114	
GSN.CM.99.CM71	-ADPANGRIQKQLNLLACRLIKT_LYK.....SSKAGIL-SL-AD-Y.....PTA.S-RSA-NKKS-RARQR--RQISH--ESLVRERPEE_GNLD-PDLGHLSLSDPEQRQVPAEEGVP	115	
GRV.ET.-.GRI-677	--K--T--KQALK-T--T--.....GS----QP.....	--R--Q--TDKI-G-V-NTFDQQL-A-LQE_QL-NRD--...-HL.....-DP-HI	88
SAB.SN.-.AGMSD30	--K--E--Y.....	--L--A--N--L--A--N--L--A--	87
SAB.SN.-.AGMSD42	--P-DI--Y.....	--H--I--C--...Q--S--S--	87
TAN.UG.-.TAN1	--S-D--TIIQ--RI--.....HS-Q-----	R--FFQ-QR-AA-S--FTAQQRD-SGE-E-AA--LVIETL-DP-QE	95
VER.DE.-.AGM3	P--S--...-LL-LA--.....NKN--V.....	R--RQAE-LRA--WHSRVE_QL_QA--Q_VLDQOH-AI,...-L--DP-SS	88
VER.KB.-.AGM15	P--P--...-LL-LA--.....RS--SV.....	E--E--R--R--R--R--R--DP-SQ	88
VER.KB.-.TYO1	P--P--...-V-L-WL--.....S--S--S--	E--GE--E--E--E--DP-HS	83
VER.KE.-.AGM_VER-9063	P--P--...-KVFSL-AY--.....NR--V	E--R--REFQ-LRF--WHETKERQLEQTL-O--LDYQH-AI--HL--DP-NS	88
LST.CD.88.SIVIhoest447	--T--K--P-YLK-S-I--.....	EPR--D-E-QR-HLH-ARTVO--FRSTVRLGLEAFTF-TVCDSPE--DOG-WNNSSPQPCVAV-FV	90
LST.CD.88.SIVIhoest485	--T-G--D-P-YLK-S-I--.....	EPR--D-E-QR-HLH-ARTVO--FRSTVRLGLEAFTF-TVCDSPE--DOG-WNNSSPQPCVAV-FV	90
LST.CD.88.SIVIhoest524	--T-P-GE_PTVKLKSR--.....	EPR--D-E-QR-HLH-ARTVO--FRSTVRLGLEAFTF-TVCDSPE--DOG-WNNSSPQPCVAV-FV	90
LST.KE.-.SIVIhoest	--T-NGDE-P-YI-LSH1-WT#.....	EPR--E-YRD LH-DRAVQ--FATIVERGLLEAFTF-TVCDSPE--DOG-WNNSSPQPCVAV-FV	102
SUN.GA.98.SIVISUN	--T-DDSI_NQYL-S-R-Y.....	EGLAPGNL..PQ-H--R-D-ER-NIH-LRAVQ--FATTLSRLGRAFER_SVSDSSQ-AES-GNSPSTKHLPAKF	99
RCM.NG.-.RCMNG411	--LIGEE--ADEQELR-R-RLIH.....	LHLS--QS--G--N--K-RQ-RERWT-LIQ--FLYPDTPDRPLQALSNLQ--T-SD-PE-PVNPFSNPSSF	102
SYK.KE.-.SYKL73	-PDQ-S-Q-AVFLRM-ARLQ.....	GPE-PRQT--R-RQ-RQR-T-RLY-QQ--FEIAFGSRTAALE-S-Q-IQISD\$	77
SAB.SN.-.SAB1C	HPTENOTANISSSS\$.....	.....	99
GSN.CM.99.CM166	ENPAPSETAQG-SSQSDLHS\$.....	.....	134
GSN.CM.99.CM71	T--SETAGG-GSQSSLLYS\$.....	.....	131
GRV.ET.-.GRI-677	-----	.....	89
SAB.SN.-.AGMSD30	--S-SKNL--A--.....	.....	99
SAB.SN.-.AGMSD42	VQSS\$.....	PHDSS--\$.....	92
TAN.UG.-.TAN1	-----	.....	103
VER.DE.-.AGM3	S.....	.....	89
VER.KE.-.AGM155	A.....	.....	89
VER.KE.-.TYO1	A.....	.....	84
VER.KE.-.AGM_VER-9063	S\$.....	.....	89
LST.CD.88.SIVIhoest447	ARPFDDEPLTWATSSLEQOTGGKRSEDCELEQDOKRKEQKMEQJQORKKWSQS\$	163	
LST.CD.88.SIVIhoest485	ARPFDDEPLTWATSSLEQDOKRKEQKMEQJQORKKWSQS\$	163	
LST.CD.88.SIVIhoest524	AG-YSDPFELPWATSLANQDQEQQERQRAIKNS\$.....	138	
LST.KE.-.SIVIhoest	AVAFDPLPKWATPLAQDQMDGKRSEDSSLAQEBMQKORTVIEH\$.....	150	
SUN.GA.98.SIVISUN	LVAPTYDFLP-WATPLADDQLAGFAPYSGYEQDQBRVNQHQGESLIVSEGKS\$.....	152	
RCM.NG.-.RCMNG411	AVDRSS\$.....	.....	107



## Other SIV protein alignment: ENV



### Other SIV proteins

606

## Other SIV protein alignment: ENV



### Other SIV proteins

608

## Other SIV protein alignment: ENV



### Other SIV proteins

## Other SIV protein alignment: ENV

SAB . SN . - . SAB1C .....x  
 GRV . ET . - . GRI-677 .....  
 BAB . TZ . 85 . 2010E .....  
 VER . KE . - . AGM155 .....  
 VER . KE . - . AGM\_VER-9063 .....  
 MND-1 . GA . - . MNIDGB1 .....  
 MND-2 . CM . - . MND302ENV .....  
 MND-2 . - . 5440 .....  
 MND-2 . GA . - . MNID14CG .....  
 GSN . CM . 99 . CM71 .....  
 GSN . CM . 99 . CM166 .....  
 SYK . KE . - . SYK173 .....  
 COL . CM . - . COLCCU1 .....  
 LST . KE . - . SIVlhoeest .....  
 LST . CD . 88 . SIVlhoeest447 .....  
 LST . CD . 88 . SIVlhoeest485 .....  
 LST . CD . 88 . SIVlhoeest524 .....  
 SUN . GA . 98 . SIV/SUN .....  
 DRL . - . FAO .....  
 733  
 854  
 302  
 768  
 877  
 821  
 176  
 830  
 867  
 886  
 882  
 832  
 837  
 912  
 915  
 914  
 916  
 919  
 835

PRRPGAVLILNS .....  
 PRRIRQGAELILNS .....  
 PRRIRQGAELIFNS\$  
 PRRURQGLEIYLN\$ .....  
 RRAPEYLROWIYDRPQGPAS\$.  
 RLRFGRGSGISSEATETAL\$  
 RFRFRGRGSOFPSSETETAL\$  
 RFRFRGRGSOFPSSETETAL\$  
 RFRF . RSELPSSETETL\$  
 KWNTRGRSRIPSSETETL\$ .....  
 QEVAAIPRRLRQGAEVLNS\$ .....

.....

### Other SIV proteins